

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54447 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01170 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 18 619.3 21. April 1998 (21.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF BLADDER TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BLASENTUMORGeweBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of bladder tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasentumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

BEST AVAILABLE COPY

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasentumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasentumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen-tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasentumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.

10

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11, 12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, die im Blasentumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
40 sie mit den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

45

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten
50 Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7
15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine
50 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 51-106, 109-114.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 51-106, 109-114 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 51-106, 109-114 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 2-50, 107, 108 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 15 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 20 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

25 Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 30 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

35 Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 40 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 45 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 50 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffende Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 17,7 .x stärker im normalen Blasentumorgewebe als im normalem Blasengewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0690	0.0565	17.6998
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0078	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
5	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

	FOETUS	
15	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
25	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
35	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
45	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
55	Blase 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Brust 0.0307	0.0376	0.8166	1.2245
	Duennndarm 0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe 0.0255	0.0075	3.3962	0.2944
60	Gastrointestinal 0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0185	0.0216	0.8571	1.1667
	Haematopoetisch 0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut 0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
65	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0575	0.0351	1.6399	0.6098
	Lunge 0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0077	5.0421	0.1983

	Muskel-Skelett	0.0308	0.0300	1.0280	0.9728
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
5	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
10	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
15	Zervix	0.0106			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
20	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
25	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
30	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
35	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
40	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0463			
45	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0370	0.0518	19.3158
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0288	0.0468	0.6150	1.6261
	Lunge	0.0031	0.0143	0.2177	4.5929
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0751			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0540			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0201			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0144	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0025	6.1132	0.1636
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0298	0.2193	4.5590
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0537	0.0726	13.7665
	Brust	0.0077	0.0207	0.3712	2.6940
	Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0093	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0118	0.0195	0.6063	1.6494
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0518	0.0919	10.8799
15	Herz	0.0127	0.0275	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0174	0.0192	0.9099	1.0990
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.2556	0.0763	13.1109
	Brust	0.0166	0.0357	0.4656	2.1477
	Duenn darm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0389	0.0052	7.4832	0.1336
	Endokrines Gewebe	0.0392	0.0326	1.2017	0.8321
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0606	0.0122	81.9491
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0238	0.0518	0.4596	2.1760
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0600	0.0480	1.2493	0.8005
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0198	0.0331	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.1155	0.2641	3.7870
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.3332			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.2202			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6381			
	Herz-Blutgefasse	0.0285			
	Lunge	0.1337			
45	Nebenniere	1.0903			
	Niere	0.6301			
	Placenta	0.6786			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1063			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4264			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.2301	0.0847	11.7998
	Brust	0.0192	0.0113	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.1555	0.0219	45.6387
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0370	0.0000	undef
	Gehirn	0.0214	0.1561	0.1374	7.2801
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0197	0.0020	9.6527	0.1036
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.1320	0.0260	38.5221
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0475	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.1361
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.1337
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.3380
	Herz-Blutgefasse	0.0249
	Lunge	0.0578
45	Nebenniere	0.5071
	Niere	0.2594
	Placenta	0.4120
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.1188
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0416

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0383	0.1017	9.8332
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0256	0.1525	6.5555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0588	0.1990	5.0259
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0539	0.0130	4.1445	0.2413
	Endokrines Gewebe	0.0187	0.0075	2.4906	0.4015
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0133	0.0123	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0555			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2430			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.1166			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611
	Brust	0.0153	0.0169	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0210	0.0130	1.6118	0.6204
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0185	0.0226	0.8181	1.2223
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
20	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0166	0.0320	0.5204	1.9216
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0442	0.1507	6.6362
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1512	0.4135	2.4182
	Hoden	0.0345	0.0117	2.9518	0.3388
	Lunge	0.0322	0.0286	1.1249	0.8889
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1260	0.5303	1.8857
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0297			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0895	0.3051	3.2777
	Brust	0.0665	0.0808	0.8230	1.2151
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0539	0.0234	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0630	0.0978	0.6444	1.5518
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0554	0.1006	0.5510	1.8149
	Haematopoetisch	0.0454	0.0379	1.1998	0.8335
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403	1.1900
15	Herz	0.0435	0.0825	0.5268	1.8981
	Hoden	0.0575	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.1008	0.0552	1.8252	0.5479
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0997	0.5818	1.7188
	Muskel-Skelett	0.0976	0.0660	1.4797	0.6758
20	Niere	0.0516	0.0890	0.5795	1.7255
	Pankreas	0.0248	0.0773	0.3205	3.1200
	Penis	0.0599	0.1066	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0567	0.0766	0.7393	1.3527
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.1055	0.3841	2.6035
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1110			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1020			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0709			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0635			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0351			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0464			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0345	0.0470	0.7350	1.3606
	Duennndarm	0.0399	0.1985	0.2008	4.9797
	Eierstock	0.0150	0.0676	0.2214	4.5168
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0878	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0862	0.1064	0.8103	1.2341
	Gehirn	0.0067	0.0277	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0164	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.3450	0.1120	8.9248
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0760	0.1643	0.4626	2.1617
	Pankreas	0.0677	0.0276	2.4530	0.4077
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0383	0.3051	3.2777
	Brust	0.0179	0.0207	0.8661	1.1546
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0329	0.0156	2.1106	0.4738
	Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0326	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0296	0.0288	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0201	0.0550	0.3662	2.7306
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0218	0.0225	0.9699	1.0311
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0251			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1170	0.3067	0.3814	2.6222
	Brust	0.3019	0.2387	1.2646	0.7908
	Duennndarm	1.1559	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0676	0.1771	5.6460
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	1.2798	0.1804	7.0940	0.1410
	Gehirn	0.0007	0.0380	0.0195	51.3918
	Haematopoetisch	0.4785	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1322	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.4594	0.0621	16.0932
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0000	0.2456	0.0000	undef
	Lunge	0.3625	0.3435	1.0554	0.9475
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.1533	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.2124	0.0480	4.4260	0.2259
20	Niere	0.0163	0.1917	0.0850	11.7691
	Pankreas	0.1074	0.4528	0.2371	4.2171
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0806	0.0255	3.1562	0.3168
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.3805			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.5175			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.7687			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1924			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0976			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.1380	0.4520	2.2125
	Brust	0.0345	0.0564	0.6125	1.6327
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0689	0.0520	1.3239	0.7553
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0276	1.4202	0.7041
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0648	0.7100	1.4084
	Gehirn	0.0333	0.0678	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0374	0.0758	0.4940	2.0241
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.1142	0.0518	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0774	0.7010	0.1104	9.0616
	Hoden	0.2589	0.1520	1.7030	0.5872
	Lunge	0.0540	0.0491	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.1256	0.2070	0.6069	1.6477
	Muskel-Skelett	0.1542	0.2100	0.7343	1.3619
20	Niere	0.0109	0.0959	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0198	0.1270	0.1561	6.4071
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0785	0.0511	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0679	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0954	0.8006	1.2490
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0624			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0529			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.3333			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1156			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1873			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0541			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1099	0.4967	2.0135
	Brust	0.0563	0.0489	1.1517	0.8683
	Duennndarm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0599	0.0650	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1804	0.7328	1.3647
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1070	0.1329	0.8050	1.2422
	Magen-Speiseroehre	0.1450	0.0613	2.3635	0.4231
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0779	0.0267	2.9202	0.3424
	Prostata	0.0610	0.0255	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0976			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.1802			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.1723	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0390	0.3478	0.1121	8.9184
	Brust	0.0255	0.0379	0.6726	1.4868
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duendarm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0564	0.0167	3.3775	0.2961
	Endokrines_Gewebe	0.0642	0.0408	1.5745	0.6351
	Gehirn	0.0017	0.0878	0.0198	50.5522
	Haut	0.0220	0.2366	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0279	0.0571	0.4883	2.0479
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0117	0.0092	1.2629	0.7918
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0064	5.6677	0.1764
	Muskel-Skelett	0.0822	0.0443	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0425	0.0096	4.4103	0.2267
	Pankreas	0.0297	0.0442	0.6731	1.4857
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0328	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0369	0.1196	0.3089	3.2370
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.4665			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.2949			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	1.6385			
	Herz-Blutgefuesse	0.0605			
40	Lunge	0.1915			
	Nebenniere	1.2684			
	Niere	0.8279			
	Placenta	0.7938			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0680			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1165			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.4743			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0676			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0351	0.1833	0.1915	5.2225
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0143	1.4517	0.6888
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0132	0.0365	0.3618	2.7643
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasentumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView" -Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
- 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
- Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
- Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
20	278/I/11	364/N/4	552/B/17

TABELLE I

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
2	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	1q12	D1S453- D1S498
3	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	19q13.2	D19S211- D19S412
5	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	6p21.1	D6S1540- D6S1018
6	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	5p14.3-p12	D5S426- D5S455
7	In Blasen-tumor überexprimiert	Hyaluronectin	17q25.1-q25.3	D17S1351- D17S1839
8	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	20p11.21- q11.21	D20S180- D20S111
9	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	15q23-q24.1	D15S197- D15S215
11	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	19q13.2-q13.33	D19S412- D19S418
12	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	14q24.1	D14S63- D14S251
16	In Blasen-tumor überexprimiert	PSCA	8p12-q24.3	
17	In Blasen-tumor überexprimiert	Cofilin		
18	In Blasen-tumor überexprimiert	H19		
19	In Blasen-tumor überexprimiert	IGF-2	11p15.3-p15.5	D11S4046- D11S1338
20	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	1p34.3-p36.11	D1S247- D1S255
26	In Blasen-tumor überexprimiert	Homolog zu GADD34 aus Hamster	19q13.31- q13.32	D19S219- D19S412
34	In Blasen-tumor überexprimiert	Hsp27	7q11.23	D7S672- D7S675
36	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	3p25.1	

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
40	In Blasen-tumor überexprimiert	Biglycan		
42	In Blasen-tumor überexprimiert	SAP-MU-9	10q21.1-q22.1	D10S561
43	In Blasen-tumor überexprimiert	CD24	6q26-q27	D6S281
45	In Blasen-tumor überexprimiert	unbekannt	17p12-p13.2	D17S796- D17S786
46	In Blasen-tumor überexprimiert	Protein Tro alpha1	14q32.31- q32.33	D14S272- D14S292
48	In Blasen-tumor überexprimiert	TIMP-1	Xp11.4-p11.23	DXS1201- DXS1039
50	In Blasen-tumor überexprimiert	Calcyclin		
107	In Blasen-tumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No.: 18		
108	In Blasen-tumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No.: 16		

TABELLE II

DNA-Sequenz ID No.:	Peptid-Sequenz ID No.:
2	51
	52
	53
3	54
	55
	56
5	60
	61
	62
6	109
	110
7	63
	64
	65
8	66
9	67
	68
	69
11	73
	74
	75
12	76
	77
	78
16	82
	83
	84
18	85
	86
	87
	88
20	89
	90
	91
26	94
	95
36	101
	102
	103
45	104
	105
	106
107	111
	112
108	113
	114

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Blasentumorgewebe
- (iii) Anzahl der Sequenzen: 72
- 20 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:**
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
30 (A) LÄNGE: 1926 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

50 ttgcgatggc tgatggactg tggctctcta accaaaggac cctagcgggc tcaacaattg 60

```

tcaagagcag ttggtggttc tgaatacaat cctcagccaa ggatccctcc tgtgttacag 120
atggatcagc taaaacaagc caacactgaa gacacaaaga atgaggttag gttcattgaa 180
accagggtaa cacctgtgga tgagctaaac acaaagatga caatgacctt gtaccaggta 240
tagaagctca gagacatgcc tgcaaaatga aatccctgag gaattttgca gctaccaga 300
5 gatacgtggt tcaaattaaa atgtctgacg gatcactcat ttgaggaaca gcacatcagc 360
ttcgcccttt acgtggacaa taggtttttt actttgacgg tgacaagtct ccacctggtg 420
ttccagatgg gagtcatatt cccacaataa gcagccctta ctaagccgag agatgtcatt 480
cctgcaggca ggacctatag gcacgtgaag atttgaatga aagtacagtt ccatttggaa 540
gcccagacat aggatgggtc agtgggcatg gctctattcc tattctcaaa ccatgccagt 600
10 ggcaacctgt gctcagctg aagacaatgg acccacgtta ggtgtgacac gttcacataa 660
ctgtgcagca catgccggga gtgatcagtc agacatttta attgaacca cgtatctctg 720
ggtagctaca aaattcctca gggatttcat tttgcaggca tgtctctgag cttctataacc 780
tgctcaaggt cagtgtcatc tttgtgttta gctcatccaa aggtgttacc ctggtttcaa 840
tgaacctaac ctcatcttt gtgtcttcag tgttggcttg ttttagctga tccatctgta 900
15 acacaggagg gatccttggc tgaggattgt atttcagaac caccaactgc tcttgacaat 960
tgtaaacccg ctaggtcctt ttggttagag aagccacagt ccttcagcct ccaattggtg1020
tcagtactta ggaagaccac agctagatgg acaaacagca ttgggaggcc ttagccctgc1080
tcctctcaat tccatcctgt agagaacagg agtcaggagc cgtcggcagg agacagcatg1140
tcacccagga ctctgccggg gcagaatatg aacaatgcca tgttcttgca gaaaacgctt1200
20 agcctgagtt tcataggagg taatcaccag acaactgcag aatgtagaac actgagcagg1260
acaactgacc tgtctccttc acatagtcca tatcaccaca aatcacacaa caaaaaggag1320
aagagatatt ttgggttcaa aaaaagtaaa aagataatgt agctgcattt ctttagttat1380
tttgaagccc caaatatttc ctcatctttt tgttgttgtc atggatggtg gtgacatgga1440
cttgtttata gaggacaggt cagctgtctg gctcagtgat ctacattctg aagttgtctg1500
25 aaaatgtctt catgattaaa ttcagcctaa acgttttgcc gggaacactg cagagacaat1560
gctgtgagtt tccaacctca gccatctgca gggcagagaa ggtctagttt gtccatcaccl620
attatgatat caggactggt tacttggtta aggaggggtc taggagatct gtcccttttal1680
gagacacctt acttataatg aagtacttgg gaaagtgggt ttcaagagta taaatatcct1740
gtattctaata gatcatcctc taaacatttt atcatttatt aatcctccct gcctgtgtct1800
30 attattatat tcatatctct acgctgcaaa ctttctgcct caatgtttac tgtgcctttg1860
tttttgctag tgtgtgttgt tgaaaaaaa aacattccct gcctaagtta gttttggcaa1920
agtatt

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 762 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

ctccactgca accacccaga gccatggctc cccgaggctg catcgtagct gtctttgcca 60
ttttctgcat ctccaggctc ctctgtctac acggagcccc agtggccccc atgactcctt120
acctgatgct gtgccagcca cacaagagat gtggggacaa gttctacgac cccctgcagc180
5 actgttgcta tgatgatgcc gtctgtccct tggccaggac ccagacgtgt ggaaactgca240
ccttcagagt ctgctttgag cagtgtgtgc cctggacctt catggtgaag ctgataaacc300
agaactgcga ctacagcccg acctcggatg acaggctttg tcgcagtgtc agctaattga360
acatcagggg aacgatgact cctggattct ccttcctggg tgggcctgga gaaagaggct420
ggtgttacct gagatctggg atgctgagt gctgtttggg ggccagagaa acacacactc480
10 aactgcccac ttcattctgt gacctgtctg agggccaccc tgcgctgcc ctgaggaggc540
ccacaggtcc ccttctagaa ttctggacag catgagatgc gtgtgctgat gggggcccag600
ggactctgaa ccctcctgat gacctctatg gccaacatca acccgccacc accccaaggc660
tggctgggga acccttcacc cttctgtgag attttccatc atctcaagtt ctcttctatc720
caggagcaaa gcacaggatc ataataaatt tatgtacttt aa 762

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1146 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

tcagtttagt ggcagggtgg ttttttaatt ttcttctgtg gctggatttt tgttgtttgt 60
ttaaataact cttctgggaa gttggtttat aagcctttgc cagggtgtaac tgttgtgaaa 120
taccaccac taaagttttt taagttccat attttctcca ttttgccttc ttatgtattt 180
tcaagattat tctgtgcact ttaaatttac ttaacttacc ataatgcag tgtgactttt 240
cccacacact ggattgtgag gctcttaact tcttaaaagt ataatggcat cttgtgaatc 300
45 ctataagcag tctttatgtc tcttaacatt cacacctact ttttaaaaac aaatattatt 360
actattttta ttattgtttg tcctttataa attttcttaa agattaagaa aatttaagac 420
cccattgagt tactgtaatg caattcaact ttgagttatc ttttaaatat gtcttgtata 480
gttcataattc atggctgaaa cttgaccaca ctattgctga ttgtatgggt ttcacctgga 540
caccgtgtag aatgcttgat tacttgact cttcttatgc taatatgctc tgggctggag 600
50 aatgaaatc ctcaagccat caggatttgc tatttaagt gcttgacaac tgggccacca 660
aagaacttga acttcacctt ttaggatttg agctgttctg gaacacattg ctgcactttg 720
gaaagtcaaa atcaagtgcc agtggcgccc tttccataga gaatttgccc agctttgctt 780
taaaagatgt cttgtttttt atatacacat aatcaatagg tccaatctgc tctcaaggcc 840
ttggtcctgg tgggattcct tcaccaatta ctttaattaa aaatggctgc aactgtaaga 900
55 acccttgtct gatataattg caactatgct cccatttaca aatgtacctt ctaatgtctc 960
gttgccaggt tccaatgcaa aggtggcgtg gactcccttt gtgtgggtgg ggtttgtggg1020

```

tagtggtgaa ggaccgatat cagaaaaatg ccttcaagtg tactaattta ttaataaaca1080
 ttaggtgttt gttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaag ggtgggtggt gttggttgtal140
 ttggtt 1146

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

gagtgaagtga gtgtgttgca tcgaattaag gactcttgaa gagaagagag gtccattcag 60
 30 ggttggtccag attgaagtga ggtctcacgg tgaaaagaaa aggaaaatat tcagactctc 120
 ttgaaatcca aagagcaaga agtaaatgaa cttctgcaaa aattccagca agctcaggaa 180
 gaacttgacag aaatgaaaag atactctgag agctcttcaa aactggagga agataaagat 240
 aaaaagataa atgagatgtc gaaggaagtc accaaattga aggaggcctt gaacagcctc 300
 tcccagctct cctactcaac aagctcatcc aaaaggcaga gtcagcagct ggaggcgctg 360
 35 cagcagcaag tcaaacagct ccagaaccag ctggcggaat gcaagaaaaca acaccaggag 420
 gtcataacag ttacagaat gcatcttctg tatgtgtgc agggccagat ggatgaagat 480
 gtccagaaag tactgaagca aatccttacc atgtgtaaaa accagtctca aaagaagtaa 540
 agtggattcc ttggcaggac actgccctt gtcactctgc tttgtgttag atccagagtt 600
 gtcggcagcc gctgccattg ttctcattcg ttgtatgcac tgtggcctag cgtagttctt 660
 40 ccctttccaa aggtttctga ggacttctcc caggagaaga ctgccgcct cagaactgct 720
 tagagacttc aaaccagcag aggtgaaagt ccctgtcatc ccttcagatt ccagagctgg 780
 gatcagccat gccagaggt ctggtcctga tgtggcagg ggggccccct cctccatccc 840
 tgactggctg agtggcttta tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg 900
 ctcttccat tctgtactc gggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt 960
 45 ggctttcaat tccaaaacat gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttagal1020
 agtatctgct taaaaccctt catcatgata tctgtggat ttaaaaactc taattccatg1080
 ttttcttccc atctgcctta tatactctat caccctgctt atcaatatc agttttagal140
 gcaatatata ctaaaatatg aaacttaaaa gttgtcctta aaagttcttt1200
 ttttaagtaa attgttgaca tactgcaaat tttctatgca aacttgccctc ctgctgttat1260
 50 ctgtgaagct caggaaatcc aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt1320
 tacagccaaa agaaatgcct catagttctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc1380
 tctgtaatat ttttattggc tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtgat1440
 aattacagta gattatatta acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttta1500
 55 aaatataact ttttctttaa agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac1560
 ctaatatgag ctgccaccaa cccccctaga actttcagcc atgggtgtctt cagaattgtal1620
 gcgcatttct gaatctagca aatcctcctt ttacccgttg aatgttttga atgccctgac1680
 tctaccagcg ccataaatg atctctagaa ggactgttag taccaatctg tttttcaact1740


```

ttgaagctaa aaaccctgat atggtaatat tatggtgcat agcagaggtc tcggaaaaaa1800
aatatttctg ttcaactttac tttcagggtta aaaatgtttc taacacgctt gcaacttccc1860
ttatggcatt aatcttggtg agggagagag acagaatcct ggactctcca aagtatttaa1920
ctgaaagtag ggcctgctct gacagggccc atgtcccaca aggctgcttg gcctcagtgg1980
5 gtgcttggtg gtgctggatg atatgttgat ctgtattgga taaggaccaa tgacagcaaa2040
gcaaaaatgg ctttaaagct tgggtgttact tttcttaagt tgtttaatta tagttaagca2100
atttcaaaaa tgctccaaag aaatgtgaaa ggaccttttg tcacagcact tcagaaaata2160
cacaacagcc ccttctgccc ccgcacagaa atgctgcaga gtatataaaa cttgagacat2220
ttttgtagga tgccctgacga ggtgtagcct tttatcttgt ttccggatgc atatttatta2280
10 cgagtactct gggttaaata tgaaaagtta tatgctgtag tttttagtat tttgtctttg2340
taatttacag aagttatttg agaaaataaa cttgtttcat tttgcaaaaa aaaaaaaaaa2400
atgaaaa                                     2407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

ctcgtgcaac ccggcggtct ctgcagcggg ggtcggctgt tgggtgtgga gtttcccagc 60
gcccctcggg tccgaccctt tgagcgttct gtcccggcgc cagctacctc gtcctcggc 120
40 gccatgacca caaccaccac cttcaaggga gtcgacccca acagcaggaa tagctcccga 180
gttttgcggc ctccagggtg tggatccaat ttttcattag gttttgatga accaacagaa 240
caacctgtga ggaagaacaa aatggcctct aatatctttg ggacacctga agaaaatcaa 300
gcttcttggg ccaagtcagc aggtgccaag tctagtgggt gcagggaaga cttggagtca 360
tctggactgc agagaaggaa ctctctgaa gcaagctccg gagacttctt agatctgaag 420
45 ggagaagggtg atattcatga aaatgtggac acagacttgc caggcagcct ggggcagagt 480
gaagagaagc ccgtgcctgc tgcgcctgtg cccagcccgg tggccccggc cccagtgcc 540
tccagaagaa atccccctgg cggcaagtc cgcctcgtct tgggttagct ctgactgtcc 600
tgaacgctgt gtttctgtct gtttccctca tgcctgtgaa ctgcacaact tgagcctgac 660
tgtacatctc ttggatttgt ttcattaaaa agaagcactt tatgtactgc tgtctttttt 720
50 ttttttcttt tgaagaacag gtttctctct gtccttgact cttgggtctg tgggccatgg 780
catgagtgtt ttctaagtag agatggagg gaaagctttg tgacacttag tactgtgttt 840
ttaagaagaa ataatttggg tccagatgtg ttagaggatc ttttgtactg aggtttttta 900
cactttactt gggtttacca agcctcaact ggacagacca taaacagtcc acaggcaccg 960
ttcctgccag gcccacccc acagggagtc tctccgcaga gccttcttgg tgttgcctal1020
55 acttgccagt ggcttttgct cagagcctcc tctgtgaca tgtgaacaat gaagaggcct1080
gcgcctcctg ccttgccgcc tgcaaagcaa agaaactgcc ttttattttt taaccttaaa1140
aagtagccag atagtaacaa gactggctgg ctgatgagca aagcctttgc tctcacgcag1200

```

aggaagggctt ggatgtacaa tgaaactgcc tggaactaaa agcagtgaag caaggaggc1260
 aatcacactg aagcgggtct tctccagga acgggggtccc acaggcgtgt tgttttaaat1320
 aacctgatgc tgtgtgcatg atgctgggtc ttgaccatga aaggaaagtc tcatcctta1380
 aatgtgttgt acttcacaat cctggactgt tgcttcaagt aaacaatatc cacattttgal1440
 5 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 1732 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30 gcagaaccta cgctgacgg gcccggggc ggctgagccg cgctgcgcag cgacgcggga 60
 atgaagcggg cgctgggcag gcgaaagggc gtgtggttgc gcctgaggaa gatacttttc 120
 tgtgttttgg gggtgtacat tgccattcca tttctcatca aactatgtcc tggaatacag 180
 gccaaactga ttttcttgaa tttcgtaaga gttccctatt tcattgattt gaaaaaacca 240
 35 caggatcaag gtttgaatca cacgtgtaac tactacctgc agccagagga agacgtgacc 300
 attggatctt ggcacacgct cctgcagtc tggtggaaga acgcccagg caaagaccag 360
 atgtggtatg aggatgcctt ggcttccagc caccctatca ttctgtacct gcatgggaac 420
 gcaggtacca gaggaggcga ccaccgcgtg gagctttaca aggtgctgag ttcccttggg 480
 taccatgtgg tcacctttga ctacagaggt tggggtgact cagtgggaac gccatctgag 540
 40 cggggcatga cctatgacgc actccacgtt ttgactgga tcaaagcaag aagtgggtgac 600
 aaccccggtg acatctgggg ccactctctg ggcaactggc tggcgacaaa tctgggtgcg 660
 cgcctctgtg agcgagagac gcctccagat gcccttatat tggaatctcc attcactaat 720
 atccgtgaag aagctaagag ccatccattt tcagtgatat atcgatactt ccctgggttt 780
 gactggttct tccttgatcc tattacaagt agtgaatta aatttgcaaa tgatgaaaac 840
 45 gtgaagcaca tctcctgtcc cctgtctatc ctgcacgctg aggacgaccc ggtggtgccc 900
 ttccagcttg gcagaaagct ctatagcatc gccgcaccag ctcgaagctt ccgagatttc 960
 aaagttcagt ttgtgccctt tcattcagac cttggctaca ggcacaaata catttacaag1020
 agccctgagc tggcacggat actgaggga ttcctgggga agtcggagcc tgagcaccag1080
 cactgagcct ggccgtggga aggaagcatg aagacctctg ccctcctccc gttttcctcc1140
 50 agtcagcagc ccggtatcct gaagccccgg ggggccggca cctgcaatgc tcaggagcccc1200
 agctcgcacc tggagagcac ctacagatccc aggcggggag gccctgcag gcctgcagt1260
 cccggaggcc tgagcatggc tgtgtggaaa gcgtgggtgg caggcatgtg gctctccttg1320
 ccgccccctc acctgagatc ttgttgggag acttaatggc agcaggcagc cactcctgc1380
 tgggttatgc tgactgagc tggacagggg gagtccgggc aggggactct tgggactcgg1440
 55 gaccatgtct agcttttttg caccacccac agagaacgtg ggggtccagg tctttctgca1500
 ccttcccagc acatgcagaa tgactccagt ggttccatcg tcccctctg ccctgtgtac1560
 ctgcttgccct ttctcagctg cccacacctc cctgggctgg cccactcacc cacagtggaa1620

gtgccccggga tctgcacttc ctcccccttc acctacctgt acaccttaacc tggccttaga1680
ctgagcttta ttaagaata aaatcgtggt ggtggtcaaa aagacactct gc 1732

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

30 cggctcgagc gtgatcgctg actcagctga ccctgcggga ccggaaaaag aaattcccgg 60
gccctggctt cttggcgcca tgaggttccg gttctgtggt gatctggact gtcccgactg120
ggctcctggca gaaatcagca cgctggccaa gatgtcctct gtgaagttgc ggctgctctg180
caccaggtac taaaggagct gctgggacag gggattgatt atgagaagat cctgaagctc240
acggctgacg ccaagtttga gtcaggcgat gtgaaggcca cagtggcagt gctgagtttc300
atcctctcca gtgcggccaa gcacagtgtc gatggcgaat ccttgtccag tgaactgcag360
35 cagctggggc tgcccaaaga gcacgcggcc agcctgtgcc gctgttatga ggagaagcaa420
agccccttgc agaagcactt gcgggtctgc agcctacgca tgaatagggt ggaggtgtg480
ggctggcggg tggactacac cctgagctcc agcctgctgc aatccgtgga agagcccatg540
gtgcacctgc ggctggaggt ggcagctgcc ccagggaccc cagcccagcc tgttgccatg600
tccctctcag cagacaagtt ccaggtcctc ctggcagAAC tgaagcaggc ccagaccctg660
40 atgagctccc tgggctgagg agaagggtgt tccaggcctg tgtggagccg ccctgcccgt720
atggagtcac gccctctgaa ctgctcttcg ggaggcagcc ctgggttctag gatgctgagg780
ccctggcccc gactctggcc tcccagatcc ccagctgcct cacttctctc ttgagaactt840
ggctcagggc tcctgaggac ctttcccagc attaccttcc cttcccttga aaggcaattg900
ttggctgttt tcataagcag gaaaaataaa cagaagtata aaagagaaaa aaaaaaaaaa960
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

cgaggaccgg ccttgcgagc ggcgacgact ataaaatggc gcgtgctgca acccgcgccc 60
gcttcggaga gagaaatgct ggggtgcagc ttcaagctta ggaccaccca ccatgcctat 120
ccaggtgctg aagggcctga ccatactca ttaagaacag aggaggctgc ctgttactcc 180
tggtgttgca tccctccaga cactctgctg ttctctgcct aggcgtggct gcagccatgg 240
ctaggaaagc gctgccaccc acccacctgg gccagagctg gttctgctcc tgctgcaggg 300
acactgagct ggctatctcg gcgcttcggg caagaactgc aacaggctct cctgggtcct 360
gcaggtgtac agccggggccc ctgccttgct cctcagctct cgagagctgc tgctgccggg 420
tgacctgac caacctgata aggtgccatc ttcagctacc actgcaaggc cctgagggca 480
acagcagcac ggcactgccc acccggtgc tgatggcctg gtgccagctg ggagtcctcc 540
cggcacttcg aggccactga gccacccttc cagccccagc ccaccatgga caggggtatc 600
cagcttcctc ctcaacctcg tctctgccc ctgagccagt gacgcccag gacatgcctg 660
ttaccaggt cctgtaccag cactagctgg tcaaggcat gacagtgtg gaggcgtct 720
tgagatcca ggccatcact ggcagcaggc tgctctccat ggtgccaggg cccgccaggc 780
caccaggctc atgctgggac ccaaccagt gcacaaggac ttggctgctg agccacacac 840
ccaggagaag gtggataagt gggctaccaa ggccttcctg caggctaggg gaggagccac 900
ccccgcttcc ctattgtgac caggcctatg gggaggagct gtccatacgc caccgtgaga 960
cctgggctg gctctcaagg acagacaccg cctggcctg tgctccaggg gtgaagcagg1020
ccagaatcct gggggagctg ctctgggtt gagctgcatt caggaagtgc gggacatggt1080
aggggaggca aaaagccttg ggcactaccc tccctgtgga gctgttcggt gtccgtcgag1140
ctagccacac cctgacacca tgttcaaggg taccggaaga gaagggtgtc tgcccccaac1200
ctcccctgtg ggtgtcactg gccagatgtc atgagggaag caggccttgt gagtggacac1260
tgacctgag tccctggggg gagtgatccc ccaggcatcg tgtgccatgt tgcacttctg1320
cccaggcagc aggggtgggtg ggtaccatgg gtgccacccc ctccaccaca tggggcccca1380
aagcactgca ggccaagcag ggcaacccca cacccttgac ataaaagcat cttgaagctt1440
ttaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaataa 1467

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 895 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

ctcgagccgc tcgagaacct cacttcctta ctccctccaa aagaagtggg gaaagaacca 60
tcaaaccttt cctcctgact taccaaacca ggaaaacagc aggagagggg ggctcaggac120
ttagggacag ggtatagctt agatgggtgga aagcaaagga gagcaggaag ttgtaaatca180
15 ctggctaata agaaaaggag acagctaact ctaggatgaa gctgtgacta ggctggagtt240
gcttccttga agatgggact cttgggttat caagacctat gccacatcac actggggcta300
gggaagtagg tgatgccagc cctcaagtct gtcttcagcc agggacttga gaagttatat360
tgggcagtgg ctccaatctg tggaccagta ttctagcttt ccctgaagat caggcagggt420
gccattcatt gtctttctct cctagccccc tcaggaaaga aggactatat ttgtactgta480
20 ccctaggggt tctggaaggg aaaacatgga atcaggattc tatagactga taggccctat540
ccacaagggc catgactggg aaaaggtatg ggagcagaag gagaattggg attttaggg600
gcagtacgct caccctaaac ttttggtggc ctggggcatg tcttgaggcc cagactgtta660
agcaggctct gctggcctgt ttaactcgta ccacctctgc acctgctgtc ttgagactcc720
atccagcccc aggcacgcca cctgctcctg agcctccact atctccctgt gacgggtgaa780
25 cttcgtgtac tgtgtctcgg gtccatatat gaattgtgag cagggttcat ctattttaaa840
cacagatgtt tacaaaataa agattatttc aaaccaaaaa gaaaaaaaaa aaaaa 895

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 758 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

cggtctgagc ggctcgaggg gcaagaagaa catcacgtgc tgtgacaccg acttgtgcaa 60
cgccagcggg gcccatgccc tgcagccggc tgccgccatc cttgcgctgc tccctgcact120

```

```

5  cggcctgctg ctctggggac ccggccagct ataggctctg gggggcccccg ctgcagccca180
   cactgggtgt ggtgccccag gcctctgtgc cactcctcac agacctggcc cagtgggagc240
   ctgtcctggt tcctgaggca catcctaacg caagtctgac catgtatgtc tgcacccctg300
   tgccccaccc tgacctccc atggccctct ccaggactcc caccggcag atcagctcta360
10 gtgacacaga tccgcctgca gatggcccct ccaaccctct ctgctgctgt ttccatggcc420
   cagcattctc cacccttaac cctgtgctca ggcacctctt cccccaggaa gccttcctg480
   cccaccccat ctatgacttg agccaggtct ggtccgtggt gtcccccgca cccagcagg540
   gacaggcact caggagggcc cagtaaaggc tgagatgaag tggactgagt agaactggag600
   gacaagagtc gacgtgagtt cctgggagtc tccagagatg gggcctggag gcctggagga660
10 aggggccagg cctcacattc gtggggctcc ctgaatggca gcctgagcac agcgtaggcc720
   cttaataaac acctgttgga taagccaaaa aaaaaaaa 758

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

40  cggctcgacg gtctcgagat caagcatgaa ttgcaagcaa actgctacga ggaggtcaag 60
   gaccgctgca ccctggcaga gaagctgggg ggcagtgccg tcctctccct ggagggaag120
   cctttgtgag cccctttctg cgcccccttg cctgggagca tctgggcagg cccaacacc180
   ttgccctttg ggggtttgca gggctcgccc cctttccttg ccagaaccgg gagggggctg240
   gggggggatt cccaggcagg ggggggagggg ccaattccct tttcaacccc caggttgggc300
   ca 302

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 824 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

15

20

25

30

```

ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggg ggggctgcgg 60
caagaagcgg gtctgtttct ttacttcctc cacggagtcg gcacactatg gctgcccctg120
ggctcccaga acccacaaca tgaaagaaat ggtgctaccc agctcaagcc tgggcctttg180
aatccggaca caaaaccctc tagcttggaa atgaatatgc tgcactttac aaccactgca240
ctacctgact caggaatcgg ctctggaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc300
caacatcaaa gacaccatcg gaacagcagc gcccgagca cccacccgc accggcgact360
ccatcttcat ggccaccccc tgcggcggac ggttgaccac cagccaccac atcatcccag420
agctgagctc ctccagcggg atgacgcggt ccccaccacc tccctcttct tctttttcat480
ccttctgtct ctttgtttct gagctttcct gtctttcctt ttttctgaga gattcaaagc540
ctccacgact ctgtttcccc cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catttgact600
ggttgagatt gtggagacgg ccttgagtct cagtacgagt gtgcgtagt gtgagccacc660
ttggcaagtg cctgtgcagg gcccgccgc cctccatctg ggccgggtga ctggggcgcc720
ggctgtgtgc ccgaaggcct caccctggcc cttcggcctt agtctgggaa ggttccgaac780
cgaacatcaa gggaggcaag cttttcaagg catttccatt aatt 824

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2190 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

5  tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttcatgact tttaatgctt 60
   tattgggatt gcaagcgtta caaggttaaa gacaaaaccc aagcatggga ttttgccgga 120
   aatattagcg ttaaaggagc tgagttgagt caaacacggg ccgcaagggt gaccgaggcg 180
   gcaggcacag gtgacattca gtgtttggcg ttgggggtctt caggtgatgg cagaggaggg 240
   gacccaagag ggggcccccc actgaagaca ttggggacac ggggaggaga caagatggag 300
   agccacgact aggcacggag gtcagacagg cagcccgggc caggatggtt agtggcccag 360
   gggagagctg caaacctggg gacgcaaggg gctggctcggc aagtgcccc gggaacaccc 420
10  actccggcga ggcagaatat aacactgggt ggggtgggtgt cctgacgaat ggcaggtaa 480
   tttgggggtgc ctggaagcgt tttgatctc aggccaatgt gggttccaca attgtgacaa 540
   tttggctctt tgggcttctg tccaatgttc cgaatggccc actcacagg cgcttgccga 600
   gggaccctct gcgacgtcgc agctcgagcc gaaatgaggg aacccccaaa tttcatgtca 660
   attgatctat tccccctctt tgtttcttgg ggcagttttt tttttacccc tccttagctt 720
15  tatgcgctca gaaaccaa ataaaccccc ccccatgtaa caggggggca gtgacaaaag 780
   caagaacgca cgaagccagc ctggagacca ccacgtcctg ccccccgcca tttatcgccc 840
   tgattggatt ttgtttttca tctgtccctg ttgcttgggt tgagttgagg gtggagcctc 900
   ctggggggca ctggccactg agcccccttg gagaagtcag aggggagtg agaaggccac 960
   tgtccggcct ggcttctggg gacagtggct ggtccccaga agtcctgagg gcggaggggg 1020
20  ggggtgggca ggggtctctc aggtgtcagg aggtgtcgc gaggccacag gagggggctc 1080
   ctggctggcc tgaggctggc cggaggggaa ggggctagca ggtgtgtaaa cagagggttc 1140
   catcaggctg gggcagggtg gccgccttcc gcacacttga ggaaccctcc cctctccctc 1200
   ggtgacatct tgcccgcctc tcagcaccct gccttgtctc caggaggtcc gaagctctgt 1260
   gggacctctt gggggcaagg tggggtgagg ccggggagta gggaggtcag gcgggtctga 1320
25  gccacagag caggagagct gccaggtctg cccatcgacc aggttgcttg ggccccggag 1380
   cccacgggtc tggatgatgcc atagcagcca ccaccgagg gcctaggggt gcggcaggga 1440
   ctccgctctt gggaggttta cctcgcccc acttgtgccc ccagctcagc cccctgcac 1500
   gcagcccgac tagcagtcta gaggcctgag gcttctgggt cctggtgacg gggctggcat 1560
   gaccccgggg gtggtccatg ccagtcgcgc tcagtcgcag aggggtccct ggcaagcgcc 1620
30  ctgtgagtg ggcattcgga acattggaca gaagccaaa gagccaaatt gtcacaattg 1680
   tggaaaccac attggcctga gatccaaaac gcttcgaggc accccaaatt acctgccc 1740
   tcgtcaggac accacccac ccagtgttat attctgcctc gccggagtgg gtgttcccg 1800
   gggcacttgc cgaccagccc cttgcgtccc caggtttgca gctctccctt gggccactaa 1860
   ccacctggc ccgggctgccc tgtctgacct ccgtgcctag tcgtggctct ccacttgtc 1920
35  tcttcccctg gtccccaatg tcttcagtgg ggggccccct cttgggtccc ctctctgcc 1980
   atcacctgaa gacccccacg ccaaacactg aatgtcacct gtgctgccc cctcggtcca 2040
   ccttgcgccc cgtgtttgac tcaactcagc tctttaacg ctaatatatt cggcaaaatc 2100
   ccattgcttg gttttgtctt taaccttgta acgcttgcaa tccaataaaa gcattaaaag 2160
   tcatgaaatt caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2190
40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 2565 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

ctccccacc tgtggccgc aagccgtctg tgggagtcce ggaccccgcc tccccagtt 60
accctcgagc tgagcccctt actgctcctc ccaccaatgg gctccctcac acccaggaca 120
10 ggactaagag ggagctggcg gagaatggag gtgtcctgca gctggtgggc ccagaggaga 180
agatgggcct cccgggctca gactcacaga aagagctggc ctgaccacca ggcacctcac 240
tggcactgct gacccatccc agaaacacaa tctcagggac ccgagcagct ccaaggacga 300
gaggatacag cagacacaac ctaatagaga gggcgccctgc agccttaacc tccacggcct 360
tcgatactta tgcaagcctg gtgttgctcc tgtcctcaga gtcctcctgc gctcatgcct 420
15 tttcccgaaat gggttcacct ctggcagttg ccgcttcagt cttggcctta gcctcatctt 480
gaagtgggta gctggcgagg gaggggtggc gcgccccctg ctggccctga ggctgcagag 540
ttgggagcag gacacctcac ctgagtttca ttttttttca tgtccaaacc atgcacatac 600
tatagtcocag aatcaaaagc cttttgaaaa tgggctgcat ggccatcctc caggggcccag 660
gaagtgtgat tccaaggggc tgtttacatg gcagcagaat ccatccccgg cagtcagccc 720
20 atagcttggg accagtctgt gccctcctgc ccagtcocag ttactcctct tggttcctga 780
aggtggccaa gtcatttgtt tcccacaggc ttctctaggc tgggggcagg tgtggggctg 840
tggaaattcca aagcacaaaa ggtgcagagg ggattggcct tcctgtgcct caactcacca 900
accacccctc tgccctccag ttctgccagg tgtcccatgc tggggacaag taggagactg 960
ccagggcccca aagaaatggg tgagcagtag agtcactctg gggcacttgg cagtgtcaag1020
25 cacctgcccc ttgcctcctt gaccacactg ggggtgggtgg gccccagca cttcagaggc1080
aggagccttt gggctgagca agcactgagg aggtggatgg aaggagcat ctggagggg1140
ggagcttcct tgagcagtg gcccaggcct ggccctccac acttcattct ctgacctttc1200
tctctcctca tttcgggtga tgtcctttct gcagctgcct ttcagcacag gtggttccac1260
30 tgggggcagc taacgctgag tgacaaggat gggaagccac aggtgcattt tactcaagtc1320
ttctctagtc aatgaggggc acccagtgct tctagggcag gctgggtggg ggtccctag1380
gtatcagcct ctcttactgt actctccggg aatgttaacc tttctatctt cagcctgtgc1440
cacctgtcta ggcaagctgg ctccccatt ggccctctgt ggtccacagc agcgtggctg1500
ccccccaggg ccaccgcttc tttcttgatc ctctttcctt aacagtgact tgggcttgag1560
tctggcaagg aaccttgctt ttagcttcac caccaaggag agaggttgac atgacctccc1620
35 cgccccctga ccaaggctgg gaacagagg gatgtggtga gagcoaggtt cctctggccc1680
tctccagggt gttttccact agtcactact gtcttctcct ttagctaat caatcaatat1740
tcttcccttg cctgtgggca gtggagagtg ctgctgggtg tacgtgcac ctgcccactg1800
agttggggaa agaggataat cagtgagcac tgttctgctc agagctcctg atctacccca1860
ccccctagga tccaggactg ggtcaaagct gcatgaaacc aggccctggc agcaacctgg1920
40 gaatggctgg aggtgggaga gaacctgact tctctttccc tctccctcct ccaacattac1980
tggaactcta tctgttagg atcttctgag cttgtttccc tgctgggtgg gacagaggac2040
aaaggagaag ggagggtcta gaagaggcag cccttctttg tctctggggg taaatgagct2100
tgacctagag taaatggaga gaccaaagc ctctgatttt taatttccat aaaatgttag2160
aagtatatat atacatatat atatttcttt aaatttttga gtctttgata tgtctaaaaa2220
45 tccattccct ctgccctgaa gcctgagtga gacacatgaa gaaaactgtg tttcatttta2280
agatgttaat taaatgattg aaacttgaaa aaggctactg cttcttaatg ttggggggac2340
agggcagtg tctgggcca catttagaag ggaatgtt ttgcctgctg cacacattgg2400
acccaagtat gggcctcttc tgccctagta tgccaaaggg actgttaagg tgtctgttcc2460
atcttctacc cccaccccc cattacaggg taaagggaac ccagactag gtgagggggc2520
50 agcagctgcc tcacacttgt gttctctcct gagatggtcc agctt 2565

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1632 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```

gacactgggtt ggttctgata agaggcaggg gaggagaaag ccgaggaaga gggagttgcg 60
gaagaggagg gagttaacaa gttctcttat ccaccatcac accgggagtg ttgtccagcc 120
20 gtggaggagg aggacgatga agaagctgta aagaaagaag ctacacagaac ctctacttct 180
gccttgtctc caggatccaa gccagcact tgggtgtctt gccaggggga ggaagagaat 240
caagccacgg aggataaaag aacagaaaga agtaaaggag ccaggaagac ctccgtgtcc 300
ccccgatctt caggctccga cccaggtcc tgggagtatc gttcaggaga ggcgtccgag 360
gagaaggagg aaaaggcaca caaagaaact gggaaaggag aagctgcccc agggccgcaa 420
25 tctcagccc cagcccagag gcccagctc aagtcctggt ggtgccaacc cagtgatgaa 480
gaggagggtg aggtcaaggc tttgggggca gctgagaagg atggagaagc tgagtgtcct 540
ccctgcatcc cccacccaag tgccttcctg aaggcctggg tgtattggcc aggagaggac 600
acagaggaag aggaagatga ggaagaagat gaggacagtg actctggatc agatgaggaa 660
gaggagaag ctgaggcttc ctcttcact cctgctacag gtgtcttctt gaagtcctgg 720
30 gtctatcagc caggagagga cacacagtga tacaggatca gccgaggatg aaagagaagc 780
tgagacttct gcttcacac cccctgcaag tgctttcttg aaggcctggg tgtatcgcc 840
aggagaggac actggatagt gaggataagg aagatgattc agaagcagcc ttaggagaag 900
ctgagtcaag cccacatccc tcccaccgg accagagggc ccacttcagg ggctggggat 960
atcgacctgg aaaagagaca gaggaaagg aagctgctga ggactgggga gaagctgagc1020
35 cctgcccctt ccgagtggcc atctatgtac ctggagagaa gccaccgcct ccctgggctc1080
ctctaggtct gcccctccga ctgcaaaggc ggctcaagcg cccagaaacc cctactcatg1140
atccggaccc tgagactccc ctaaaggcca gaaagggtgcg cttctccgag aaggtcactg1200
tccatttcct ggctgtctgg gcagggccg cccaggccgc ccgccagggc ccctgggagc1260
agcttgctcg ggatcgcagc cgcttcgcac gccgcacac ccaggcccag gaggagctga1320
40 gcccctgct caccctgct gccggggcca gaggctgggc acgcctcagg aaccacctt1380
tagcccccac ccctgccctc accagacct tgccttcctc ctctgtccct tcgtccccag1440
tccagaccac gcccttgagc caagctgttg ccacacctc ccgctcgtct gctgctgcag1500
cggctgcctt ggacctcagt gggaggcgtg gctgagacca actggtttgc ctataattta1560
ttaactattt attttttcta agtgtgggtt tatataagga ataaagcctt ttgatttga1620
45 acgaaaaaaa aa 1632

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

15

```

ccgcgtcgac aaattttttt aaagatcatc gatgaagaga gaaaatgcgc ttttctacag 60
agtcccttc ccaccacag ccccatcccc agataagcgg ggagttccct ggcgcggtgc120
cagtttctag ccgctgagtg ggcgtgtgcg cggctccaag tgcgcctgcg tactgctcac180
tccccagctc cgcgcccctgc tccgttcctc ccaaaactct gaatcgaaga actttccgga240
20 agtttctgag agcccagacc ggcgggcacg cgcccatccc caaccctc tgtaatccc300
taccagcctg cagtccctggc tgcttccaag caggaggtgg gccctctggc ctacggggc360
cgaaaggcag tgcccctccc ccgcagcttg atttccctct tcccccaac ggcaagcacg420
aggagcggca ggacgagcat ggctacatct cccggtgctt cacgcggaaa tacacgctgc480
cccccggtgt ggaccccacc caagtttctt cctccctgtc ccctgagggc aactgaccg540
25 tggaggcccc catgcccagg ctagccacgc agtccaacga gatcaccatc ccagtcacct600
tcgagtcgcg ggcccagctt gggggcccag aagctgcaaa atccgatgag actgccgcca660
agtaaagcct tagcccgat gccacccct gctgccgcca ctggctgtgc ctcccccgcc720
acctgtgtgt tcttttgata catttatctt ctgtttttct caaataaagt tcaaagcaac780
cacctggtca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 1203 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

5   gtcgggggcg cctgcgcagt cgctcttcct caggcgggcg ccatggcggg acaggaggat 60
    ccggtgcagc gggagattca ccaggactgg gctaaccggg agtacattga gataatcacc 120
    agcagcatca agaaaatcgc agactttctc aactcggtcg atatgtcttg tcgttcaaga 180
    cttgcaacac taaacgagaa attgacagcc cttgaacgga gaatagagta cattgaagct 240
    cgggtgacaa aaggtgagac actcacctag aacagtgccg tgctgctgct ggggaagttgc 300
    ttacacaaac acaggccaca tgggaaaggc cccagcagcc ttcagctcct tcctttctcc 360
    ttaaagagca acagggctta ttcttgtttt tcttttttca aaagtgtggc ctttgggctc 420
10  tgccatctgg ggtgtggtgt ggtatgtggg aagaagttca gaggaaccgt tggaaacgac 480
    gttaggcatt ttaccttttc agtaacattt tatacatcta cttgtcaatg tatttgagac 540
    attcacagcc aaaagcctgg gactctttgt gaaggtcctc ctcacctcta tctttcttcc 600
    tctctctctc aaactttcct taaagttctc attgcctttg cactgcttct gtgaacagtc 660
    tttgtctcct cccacctttt ggtgggaagt gcggggcagt cctggtcaag acactcatgc 720
15  cctggcaatg tggctgccag agaatgttgt tgctaacca ccagtttctt gttgatttgg 780
    agaggtcaag gccaggcccc cacttggtct gaaggacat ttcagactt ttctttctgt 840
    cacttgaggt gtctatgcct ctcatatttc cctaataaac tcctcaactt tttatctgac 900
    tgctgtgatt atggtgggga gaggagctag agatgggttc acttattgca cagaaatgta 960
    atacatggcg ttattattct aacataaaac tttcagatgt agctgtttga ttcaaagcct1020
20  aggtgcttac cagcccaagt ccccatgttt ggactttcag ctgactagct catcttggga1080
    atcatttggg cattcagcac atttaccaag tatttactat gtaggcatgt taaactccaa1140
    taaaacatac agcattgaat cagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1200
    aaa                                           1203

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2384 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

50  gcctcccgcg cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
    ctttcgggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggccacc accccagccc 120
    gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgccct cctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
    ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
    ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcattgatga acgatgagga agcttcgggc 300
55  gctgacaccg cgggcgtcct ggacccggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
    cctttcgggt gccactgcca cctgcgggtg gttcagtgct ccgacctggg tctgaagtct 420

```

```

gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
gagctccgca aggatgactt caagggtctc cagcacctct acgccctcgt cctgggtgaa 540
aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccaac tgcggaagct gcagaagctc 600
tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccaccc taccagctc cctgggtggag 660
5 ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aaagg gagtgttcag tgggctccg 720
aacatgaact gcatcgagat gggcggaac cactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcattctag aggccaaagt gactggcatc 840
cccaaagacc tccctgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
atcgaactgg aggacctgct tcgctactcc aagctgtaca ggctgggctt aggccacaac 960
10 cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac 1020
ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag 1080
gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg 1140
ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaacaa ccccggtgcc 1200
tactgggagg tgcagcggc cactttccgc tcgctcactg accgectggc catccagttt 1260
15 ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgaggg gcctcagtgg ggggtctctg 1320
ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc 1380
tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcgatgcc ccacaccgc 1440
ctctccctgg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggcccccatc acatgttccc 1500
ttggcctcag agctgcccct gctctcccac cacagccacc cagaggcacc ccataagct 1560
20 tttttctcgt tcactcccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtc 1620
tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtgc 1680
cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctctca tgcatttcca gcctttcaac 1740
cctcccgac tctgcggctc cctcagccc cettgcaagt tcatggcctg tccctcccag 1800
acccctgtc cactggccct tcgaccagtc ctccctctctg ttctctctt ccccgctc 1860
25 cctctctctc tctctctctc tttctgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg 1920
tgtgtgtgtc ttgtgcttcc tcagaccttt ctgcttctg agcttgggtg cctgttcc 1980
ccatctctcc gaacctggct tcgctgttcc ctttactcc acacctctg gccttctgcc 2040
ttgagctggg actgctttct gtctgtccgg cctgcacca gccctgccc aaaaaacccc 2100
agggacagcg gtctccccag cctgccctgc tcaggccttg cccccaacac tgtactgtcc 2160
30 cggaggaggt tgggaggtgg aggccagca tcccgcgag atgacacat caaccgccag 2220
agtcccagac accggttttc ctagaagccc ctaccccca ctggccact ggtggctagg 2280
tctcccctta tcttcttggg ccagcgcaag gaggggtgc ttctgaggtc ggtggctgtc 2340
tttccattaa agaaacaccg tgcaacgtga aaaaaaaaaa aaaa 2384

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

5  gcgttccctc cgccgagcta cttctttctt tccttttttt tttttttctg gctaacagaa 60
   ttttattgtt aaatcacaga aacttttagtg caaaacaaaa atcacgaagt ccatttaata120
   gcaacttcat gtctgtctgg ctttgcttgc tgtctcctgg caaccagaag tggacagaag180
   cgtgggtgcc caagtgggcc acagacagct tccaaccccc acaccacagc atccaatcca240
   caccagcag acccttcggc atgccgccct ctaccaggaa gccagaggcc taggagctcg300
   ccatccatat ttatttgaaa aggtcaaaaag gagcatctat gagacaaggg aggggtgcag360
   gctgaagcag cgcctcaaca gccagggaca tgtaggcaac acgagcaggc acagcgcggc420
10 caccactgtc cacacgtca cacaagccag gcccgcaggg ctttcggaga gctagcaggt480
   tacattcagg cagatggccc tcttcccacc caaacccaca gaaccccaaa caaggcatca540
   ccaggaaaga cacgggaaag ccaaatcaca gttgaaccag ggacagagaa cccttggccc600
   cactgatgtc ccaagccacc agcagctgct tccaaaatcc ctatgctatt acagtgggaa660
   ttacatcatt taaaaagcct gattattccc aggtttctaa tctttcatat aaaactgcct720
15 ttgttttgct cttttgttca actcagaggc ccagcaaagc gggcagggtc cctgatcagg780
   gcaggagccc acctcagaag cccatgccgc accagtgcc aagcacatgt cagtgtctcag840
   aacaa 845

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2233 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

45  gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
   tatcacctac tttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
   cactgtcctt acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
   cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
   cggctgggtg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
   atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
50  cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcattcgaat 420
   ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
   ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
   ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
   tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
55  tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
   acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780

```

```

gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt ttacatttgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
5 ccatattgag tcaaatggta ggcatttctt atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
agtggtgcca tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcga ttctcctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgccgggct aatttttgtal320
10 attttagtag agacagggtt tcaccatgtt gccagggtg gtttcgaact cctgacctca1380
ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag cccccgcgcc1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgataa ctttttataa tttaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaadc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
15 cacaactttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac1740
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttataa ctgcctcgac1800
acacataaac ctttttataa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
20 tttttttcca tcttttagaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttggattg2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgattttgc2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggagggcgag2160
gagagaggaa aaggggagga agagggagggg ggaaagagaa gggagagaga aggaggggga2220
25 aggaggtggg ggg
2233

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:
- 50 gttttttttt tttttttttt aagagagcag attctcttta ttgagatacg ggacacagcg 60
aaggggtggg agacggaaca gccccccagc ctcagccctc tccacggggg ccggatgccal20
gagatggggg aagggattca gtctctcgcc cgggaaaccc agtcccacag agggcgccgg180
caaggggtggg acgcgacctg ggtgacacgg tgcaggaggt ctttaaatag aggaggggct240
55 ggagcgggga aacgcgcggg ggccttagcg caccatgtat tccttgccgt tattgagccg300
aacttggcag aaagagaagc ctccgaggag gaggtaaagg cctgcagcga tgaacagtt360
gtagctgact tgctcgtaaa ggttgatatat gttctggggg ccattctcaa aatctttctc420

cgtgaaggga acgtcctcaa tcaacacagc ggaatggaca ttgaaaaata ttccgagcat480
 tatcaacatg atcactcccc aggcgctgag gacgatgccg caggcggcca gcttcggccc540
 acagcacagg agcgacgcca taaagaaggg agtcggggat cgccgaggtg caagcgggct600
 cggaaagcgg tgggagaaag cccaggatgc cctcgagggg gggcagaggg ggcgtggccc660
 5 cggcctcaac catcccatcc gggggcggca ggcgaaaag gctgggctcc tctcaggact720
 ttcgcgggag acggcgccgt ctgaaaccaa aactgctcct ggggaaacct tccttgacct780
 ctgtagctag ggcgtgagta ttggaagagc gagggcc 817

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

gttccggctc acatgggaaa tactttctga gagtcctgga cctcctgtgc aagaacatga 60
 aacacctgtg gttcttcctc ctgctgggtg cagctcccag atgggtcctg tcccagggtg 120
 35 agctgcagga gtcgggcccc ggactgggtg agccttcaca gacctgtcc ctcaacctgca 180
 ctgtctctgg tggctccatc agcagtggtg gttactactg gagctggatc cgccagcacc 240
 cagggaaggc cctggagtgg attgggtaca tctattacag tgggagcacc tactacaacc 300
 cgtccctcaa gagtcgagtt accatatcag tagacacgtc taagaaccag ttctccctga 360
 agctgagctc tgtgactgcc gcggacacgg ccgtgtatta ctgtgcgaga gagcatctct 420
 40 cctacgggtg ctcgagatac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa gggacccggg 480
 caccgtctcc tcagcatccc cgaccagccc caaggtcttc ccgctgagcc tctgcagcac 540
 ccagccagat gggaacgtgg tcatcgccctg cctgggtccag ggcttcttcc cccaggagcc 600
 actcagtgtg acctggagcg aaagggacag ggcgtgaccg ccagaaactt cccaccacgc 660
 caggatgcct ccggggacct gtacaccacg agcagccagc tgaccctgcc ggccacacag 720
 45 tgcctagccg gcaagtcctg gacatgccac gtgaagcact acacgaatcc cagccaggat 780
 gtgactgtgc cctgcccagt tccctcaact ccacctaccc catctccctc aactccacct 840
 accccatctc cctcatgctg ccacccccga ctgtcactgc accgaccggc cctcgaggagc 900
 ctgtctttag gttcagaagc gaacctcacg tgcacactga ccggcctgag agatgcctca 960
 ggtgtcacct tcacctggac gccctcaagt gggaagagcg ctgttcaagg accacctgag1020
 50 cgtgacctct gtggtgcta cagcgtgtcc agtgtcctgc cgggctgtgc cgagccatgg1080
 aacctggga agaccttcac ttgactgct gcctacccc agtccaagac cccgctaacc1140
 gccacctct caaaatccgg aaacacattc cggcccagag tccacctgct gccgccgccg1200
 tcggaggagc tggccctgaa cgagctggtg acgctgacgt gcttggcacg cggttcagc1260
 cccaaggacg tgctggttcg ctggctgacg ggttcacagg agctgcccgc cgagaagtac1320
 55 ctgacttggg catcccggca ggagcccagc cagggcacca ccaccttcgc tgtgaccagc1380
 atactgcgcg tggcagccga ggactggaag aagggggaca ccttctcctg catgggtggc1440
 cacgaggccc tgccgctggc cttcacacag aagaccatcg accgcttggc ggttaaacccl500


```

acccatgtca atgtgtctgt tgtcatggcg gaggtggacg gcacctgcta ctgagccgcc1560
cgctgtccc caccctgaa taaactccat gctcccccaa gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa                                     1644

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- 10 (A) LÄNGE: 969 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN**(iii) ANTI-SENSE: NEIN**

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

30 gaggaggagg gtgtatctcc ttctgtcgga ccgccccttg gcttctgcac tgatgggtggg 60
    tggatgagta atgcatccag gaagcctgga ggctgtggt ttccgcaccc gctgccacccc120
    ccgcccctag cgtggacatt tatcctctag cgctcaggcc ctgcgcgcat cgccgcagat180
    ccagcgccca gagagacacc agagaaccca ccatggcccc ctttgagccc ctggcttctg240
    gcatcctggt gttgctgtgg ctgatagccc ccagcagggc ctgcacctgt gtcccacccc300
35 acccacagac ggccttctgc aattccgacc tcgtcatcag ggccaagtgc gtggggacac360
    cagaagtcaa ccagaccacc ttataaccagc gttatgagat caagatgacc aagatgtata420
    aagggttcca agccttaggg gatgcccgtg acatccggtt cgtctacacc ccgcccattg480
    agagtgtctg cggatacttc cacaggctcc acaaccgcag cgaggagttt ctcatgtctg540
    gaaaactgca ggatggactc ttgcacatca ctacctgcag ttctgtgggt ccctggaaca600
40 gcctgagctt agctcagcgc cggggcttca ccaagaccta cactgttggc tgtgaggaat660
    gcacagtgtt tcctgttta tccatccctt gaaaactgca gagtggcact cattgcttgt720
    ggacggacca gtcctccaa ggctctgaaa agggcttcca gtcccgtcac cttgcctgcc780
    tgctcggga gccagggtg tgcaacctgg agtccctgcg gtcccagata gcctgaatcc840
    tgcccgaggt ggaagctgaa gcctgcacag tgtccaccct gttcccactc ccattcttct900
45 tccggacaat gaaataaaga gttaccaccc agcaaaaaaa aaaaaaaaaa acaagtcgtc960
    cggtgctgt                                     -          969

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 704 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

20 ggggagactc gtcaccaggc gtgcagtggg cactgctggg ctcccccatc ccgtcctaac 60
ccggaacagc cccgggcagg aggcgtggaa agtcgagggg gtaaaccgcg aatgtgcgtt120
gtgtaagcca cggcgagagg tggggcgagg gcgggacttg ggcgggcggg gtgggcttgg180
ccgagctggc ctccggggca ccgaccgcta taaggccagt cggactgcga cacagcccat240
ccccctgacc gctcgcgtcg catttgcccg cctccctacc gctccaagcc cagccctcag300
ccatggcatg ccccctggat caggccattg gcctcctcgt ggccatcttc cacaagtact360
ccggcaggga gggtgacaag cacaccctga gcaagaagga gctgaaggag ctgatccaga420
25 aggagctcac cattggctcg aagctgcagg atgctgaaat tgcaaggctg atggaagact480
tggaccggaa caaggaccag gaggtgaact tccaggagta tgtcaccttc ctgggggcct540
tggctttgat ctacaatgaa gccctcaagg gctgaaaata aatagggaag atggagacac600
cctctggggg tcctctctga gtcaaatcca gtggtgggta attgtacaat aaattttttt660
tgggtcaaatt taaaaaaaaa aaaaaaagag aaaaaagggt gagc 704
30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

50 PCSSQFHPVE NRSQEPLAGD SMSPTLPVQ NMNNAMFLQK TLSLSFIGGN HQTTAECRTL60
SRTTDLSPSH SPYHHKSHNK KEKRYFGFKK SKKIM 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 52:

15

LPRDTWFKLK CLTDHSRHVL HSYVNVSHLT WWHCLQTEHR LPLAWFENRN RAMPTDPSYV60
WASKWNCTFI QIFTCL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

20

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

RVNNCQEQLV VLKYNPQPRI PPVLQMDQLK QANTEDTKNE VRFIETRVTP LDELNTKMTL60
TLSSRYRSSET CLQNEIPEEF CSYPEIRGSN 90

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

5

PLQPPRAMAP RGCIVAVFAI FCISRLLC SH GAPVAPMTPY LMLCQPHKRC GDKFYDPLQH 60
CCYDDAVVPL ARTQTCGNCT FRVCFEQCCP WTFMVKLINQ NCDSARTSDD RLCRSVS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

RVPQPALGWC RVDVGHRRGHQ EGSESLGPHQ HTHLMLSRIL EGDWASSGQ RQGGPQTGHR 60
MKWAVECVFL WPPNSHSASQ ISGNTSLFLQ AHPGRRIQES SFP 103

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 56:

RCSFHTSGSW PRARRHHHSN SAAGGRRTCP HISCVAGTAS GKESWGPLGL RVSRGAWRCR60
KWQRQLRCSL GEPWLWVVAV E 81

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 60:

15 VTVMQFNFEF SFKYVLYSSY SWLKLDHTIA DCMVFTWTPC RMLDYLYSSY ANMLWAGEMK 60
SSSHQDLLFK WLDNWATKEL ELHLLGFELF WNTLLHFGKS KSSASGALSI ENLPSFALKD120
VLFFIYT 127

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 61:

40 SIGPICSQGL GPGGIPSPIT LIKNGCNCKN PCLIIYLQLCS HLQMYLLMLS CQVPMQRWRG 60
LPLCGWGLWV VVKDRYQKNA FKCTNLLINI RCLLKKKKKK KKRVGGVGCI G 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 62:

5 YRSFTTTHKP HPHKGSPPRL CIGTWQLSIR RYICKWEHSC KYIRQGFLQL QPFLIKVIGE60
GIPPGPRP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

10 (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

25 LVQPGGSCSG GRLLGVEFPS APRVRPFERS APAPATSLLG AMTTTTTFKG VDPNSRNSSR 60
VLRPPGGGSN FSLGFDEPTE QPVRKNKMAS NIFGTPEENQ ASWAKSAGAK SSGGREDLES120
30 SGLQRRNSSE ASSGDFDLK GEGDIHENVD TDLPGSLGQS EEKPVPAAPV PSPVAPAPVP180
SRRNPPGGKS SLVLG 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

35 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

50 VSQSFPSNLL LENTHAMHR PKSQQQRETC SSKEKKKRQQ YIKCFFLMKQ IQEMYSQAQV 60
VQFTSMEETD RTTAFRTVRA NRRGWTCRQ GDFFWMALGP GPPGWAQAQQ ARASLHSAPG120
CLASLCPHFH EYHLLPSDLR SLRSLQRSS FSAVQMTPSL PCHH 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 5 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

20 FQAVSLYIOA FLCVRAKALL ISQPVLLLSG YFLRLKNKRO FLCFAGGKAG GAGLFIVHMS 60
QEEALSKGHW QVRATPRRLC GETPCGLGPG RRGACGLFMV CPVEAW 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- 25 (A) LÄNGE: 349 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

40 AALRS DAGMK RALGRRKGVW LRLRKILFCV LGLYIAIPFL IKLCPGIQAK LIFLNFVRVP 60
YFIDLKKPD QGLNHTCNYY LQPEEDVTIG VWHTVPAVWW KNAQGKDQMW YEDALASSHP120
IILYLHGNAG TRGGDHRVEL YKVLSSLGYH VVTFDYRGWG DSVGTPSERG MTYDALHVFD180
WIKARSGDNP VYIWGHSLGT GVATNLVRR L CERETPPDAL ILESFTNIR EEAKSHPFVS240
IYRYFPGFDW FFLDPITSSG IKFANDENVK HISCPILLIH AEDDPVVPFQ LGRKLYSIAA300
45 PARSEDFKV QFVPFHS DLG YRHKYIYKSP ELPRILREFL GKSEPEHQH 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 50 (A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

5
SGLSRLGPGR NQHAGQDVLC EVAAALHQVL KELLGQGIDY EKILKLTADA KFESGDVKAT 60
VAVLSFILSS AAKHSVDGES LSSELOQLGL PKEHAASLCR CYEEKQSPLQ KHLRVCSLRM120
15 NRLAGVGWRV DYTLSSSLQ SVEEPMVHLR LEVAAAPGTP AQPVAMSLSA DKFQVLLAEL180
KQAQTLMSSL G 191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

20 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

35 FFFFFFFFFF FFFFSLLYFC LFFLLMKTAN NCLSREGKVM LGKVLRSPEP SSQERSEAAG 60
DLGGQSPGQG LSILEPGLPP EEQFRGRDSI RAGRLHTGLE HPSPQPRELI RVWACFSSAR120
RTWNLSAERD MATGWAGVPG AAATSSRRCT MGSSTDCSRL ELRV 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

40

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

5 NQGCLPKSSS EGVTPYGQGG STQAWNTLLL SPGSSSGSGP ASVLPGGPGT CLLRGTWQQA 60
GLGSLGQLPP PAAGAPWALP RIAAGWSSGC SPPASPHLPT YSCVGCRPAS ASARGFASPH120
NSGTGWPRAL WAAPAAVHW TRIRHRHCAW PHWRG 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

10 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

25 LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL120
V 121

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

QACPWASLAQ GQRTLRRLKL DTPVHGGLGL EGWLSGLEVP GGLPAGTRPS AAGWAVPCCC 60
CPQGLAVVAE DGTLSGWIRS PGSSSSRELR HKAGARLYTC RTQESLLQFL PEAPR 115

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

15 RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNQLW 60
PRWVGGS AFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

20 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

PPQERRTIFV LYPRGSGREN MESGFYRLIG PIHKGHDWEK VWEQKENWDF RVQYAHPKLL60
VAWGMS 66

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

ALSTRAMTGK RYGSRRRIGI LGCSTLTNLF WWPGACLEAQ TVKQALLACL LVTTSPAPVL60
RLHPAPGTPP APEPPLSPCD G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

LLTIIHIWTR DTVHEVHPSQ GDSGGSGAGG VPGAGWSLKT AGAEVVTSKQ ASRACLTVWA 60
SRHAPGHQKF RVSVLHPKIP ILLLLPYLFP VMAVDRAYQ SIES 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

ARAARGARRT SRAVTPTCAT PAGPMPCSR L PPSLRCSLHS ACCSGDPASY RLWGAPLQPT 60
LGVVPQASVP LLTDLAQWEP VLVPEAHPNA SLTMYVCTPV PHPDPPMALS RTPTRQISSS120
DTDPPADGPS NPLCCCFHGP AFSTLNPVLR HLFPQEAFFA HPIYDLSQVW SVVSPAPSRG180
QALRRAQ 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

FFFFGLSNRC LLRAYAVLRL PFREPHECEA WPLPPGLQAP SLETPRNSRR LLSSSSTQST 60
SSQPLLGPPE CLSPAGCGGH HGPDLAQVID GVGREGFLGE EVPEHRVKGG ECWAMETAAE120
RVGGAICRRI CVTRADLPFG SPGEHGRVR VGHGADIHG QTCVRMCLRN QDRPLGQVC180
EEWHRGLGHH TQCLQRGPP EPIAGRVPR AGRVQGAAQG WRQPAAGHGP RWRCTSRCHS240
T 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

MGWAGKASWG KRCLSTGLRV ENAGPWKQQQ RGLEGPSAGG SVSLELICRV GVLERAMGGS 60
GWGTGVQTYM VRLALGCASG TRTGSHWARS VRSGTEAWGT TPSVGCSCGAP QSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

10 AFLSFLFSEK FKAFTTLFPP SLNLICTKS FALVGVVETA LSLSTSVREC EPPWQVPVQG 60
PAALHLGRVT GAPAVCPKAS PWPFGLSLGR FRTEHQGRQA FQGISIN 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

15 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

30 LRNRLWKVKL EEPDLISPTS KTPSEQQRPO HPPRTGDSIF MATPCGGRLT TSHHIPELS 60
SSSGMTPSPF PPSSSFSSFC LFVSELSCLS FFLRDSKPPR LCFPRPF 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

35 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

IQKGRGKQSR GGFESLRKKE RQESSETKRQ KDEKEEEGGG GDGVIPLEEL SSGMMWWLVV 60
NRPPQGVAMK MESPVRGGCC GRCCSDGVFD VGLMRSGSSS FTFQSRFLSQ VVQWL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- 5 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

20 CSVRNLPRLR PKQGGEAFGH TAGAPVTRPR WRAAGPCTGT CQGGSHSRTL VLRLKAVSTT 60
PTSANDLVQI KFRRDGGNRV VEALNLSEKR KDRKAQKQRD RRMKKKKREV VGTASSRWRS120
SALG 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 25 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

40 EGAGGEWRCP AAGGPRGEDG PPGLRLTERA GLTRHLTGT ADPSQKHNLR DPSSSKDERI 60
QQTQPNREGA CSLNLHGLRY LCKPGVAPVL RVILRSCLFP NGFTSGSCRF SLGLSLILKW120
VAGGRGWLRP LLALRLQSWE QDTSPEFHFF SCPNHAHTIV QNQTSEKWL HGHPPGPRKL180
45 HSKGLFTWQQ NPSPAVSP 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

LPPVEPPVLK GSCRKDMHRN EERERSENEV WRARPGPTAQ GSSPPPDAPF HPPPQCLLSP 60
KAPASEVLGA HPPQCGQGGK GQVLDTAKCP EMTLLLTHFF GPWQSPTCPQ HGAPGRTGRQ120
EGGW 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

NSGEVSCSQL CSLRASRGRS HPLPPATHFK MRLRPRLKRQ LPEVNPFGKR HERRMTLRTG 60
35 ATPGLHKYRR PWRLRLQAPS LLGCVCCILS SLELLGSLRL CFWDGSAVPV RCLVVRPALS120
VSLSPGGPSS PLGPPAAGHL HSPPAPS 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40 (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

5 EAGEEKAE EEE GVAEEEGVNK FSYPPSHREC CPAVEEEDDE EAVKKEAHRT STSALSPGSK 60
PSTWVSCPGE EENQATEDKR TERSKGARKT SVSPRSSGSD PRSWEYRSGE ASEEKKEKAH120
KETGKG EAAAP GPQSSAPAQR PQLKSWWCQP SDEEEGEVKA LGAAEKDGEA ECPPCIPPPS180
AFLKAWVYWP GEDTEEE EDE EDEDSDSGS DEEEGEAEAS SSTPATGVFL KSWVYQPGED240
TQ 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

10

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

RPGCIGQERT L DSEDKEDDS EAALGEAESD PHPSHPDQRA HFRGWGYRPG KETEEEEAAE 60
DWGEAEPCPF RVAIYVPGEK PPPPWAPPRL PLRLQRRLKR PETPTHDPDP ETPLKARKVR120
FSEKVTVHFL AVWAGPAQAA RQGPWEQLAR DRSRFARRIT QAQEELSPCL TPAARARAWA180
30 RL RNPPLAPI PALTQTL PSS SVPSSPVQTT PLSQAVATPS RSSAAAAAAL DL SGRRG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

35

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

50 VGGACAVALP QAAAMAGQED PVQREIHQDW ANREYIEIIT SSIKKIADFL NSFDMSCRSR60
LATLNEKLTA LERRIEYIEA RVTKGETLT 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

NSAVLLLGSC FTQHRPHGKG PSSLQLLPFS LKSNRAYSCF SFFKSVAFGL CHLGCGVVCG60
KKFRGTVGND VRHFTFSVTF YTSTCQCI 88

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

HFIIHLLVNVF ETFTAKSLGL FVKVLLTSIF LSLSLKLSLK FSLPLHCFCE QSLSPPHLWW60
EVRGSPGQDT HALAMWLPEN VVANPPVSC 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

REQILFIEIR DTAKGGETEQ PPSLSPLHGG RMPMGEGIQ SLARETQSHR GRRQGWDATW 60
VTRCRESLNR GGAGAGKRAG ALAHHVFLAL IEPNLAAREA SEEEVKACSD ETVVADLLVK120
10 VVYVLGAILK IFLREGNVLN QHSGMDIEKY SEHYQHDHSP GAEDDAAGGQ LRPTAQERRH180
KEGSRGSPRC KRARKAVGES PGCPRGAEG AWPRPQPSHP GAAGGKGWAP LRTFAGDGAV240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

15 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

30 RLYMFWGPFS KSFSVKGTSS INTAEWTLKN IPSIINMITP QALRTMPQAA SFGPQHRSDA 60
IKKGVGDRRG ASGLGKRWEK AQDALAGGQR GRGPGLNHPI RGRQAEKAGL LSGLSRETAP120
SETKTAPGET FLDLCS 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

35 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

LQSRKRVSPG AVLVS DGAVS RESPERSPAF SACRPRMGWL RPGPRPLCPP ARASWAFSHR 60
FPSPLAPRRS PTPFFMASLL CCGPKLAACG IVLSAWGVIM LIMLGIFFNV HSAVLIEDVP120

FTEKDFENGP QNIYNLYEQV SYNCFIAAGL YLLLGGSFC QVRLNKRKEY MVR

173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

ATTATTTACA TTTCAAAATA ATTCCTTTTAC ATCGTTTAC TCCTAAGTTC ATTACCATTG 60
TTGGCCCACC TTAGGTTCCA CCACTTGGTT GTTACCCAG CCCTGGGTTC AAACAGGGAC 120
ATGGCAAGGG GACACAGGAC AGAGGGGTCC CCAGCTGCCA CCTCACCAC CGCAATTCAT 180
30 TTAGTAGCAG GCACAGGGG AGCTCCGGCA CGGCTTTCTC AGGCCTATGC CGGAGCCTCG 240
AGGGCTGGAG AGCGGGAAGA CAGGCAGTGC TCGGGGAGTT GCAGCAGGAC GTCACCAGGA 300
GGGCGAACGG CCACGGGAGG GGGGCCCCGG GACATTGCGC AGCAAGGAGG CTGCAGGGGC 360
TCGGCCTGCG GCGGCCGGTC CCACGAGGCA CTGCGGCCCA GGGTCTGGTG CGGAGAGGGC 420
CCACAGTGGA CTTGGTGACG CTGTATGCCC TCACCGCTCA GCCCCTGGGG CTGGCTTGGC 480
35 AGACAGTACA GCATCCAGGG GAGTCAAGGG CATGGGGCGA GACCAGACTA GGCGAGGCGG 540
GCGGGCGGGA GTGAATGAGC TCTCAGGAGG GAGGATGGTG CAGGCAGGGG TGAGGAGCGC 600
AGGGGGCGGC GAGCGGGAGG CACTGGCCTC CAGAGCCCGT GGCCAAGGCG GGCTTCGCGG 660
GCGGCGACGG AGCCGGGATC GGTGCCTCAC CGTTCGGGCT GGAGACGAGG CCAGGTCTCC 720
AGCTGGGGTG GACGTGCCCA CCAGCTGCCG AAGGCAAGAC GCCAGGTCCG GTGGACGTGA 780
40 CAAGCAGGAC ATGACATGGT CCGGTGTGAC GGCGAGGACA GAGGAGGCGC GTCCGGCCTT 840
CCTGAACACC TTAGGCTGGT GGGGCTGCGG CAAGAAGCGG GTCTGTTTCT TTACTIONCTC 900
CACGGAGTCG GCACACTATG GCTGCCCTCT GGGCTCCCAG AACCACAAAC ATGAAAGAAA 960
TGGTGCTACC CAGCTCAAGC CTGGGCCTTT GAATCCGGAC ACAAACCCT CTAGCTTGA1020
AATGAATATG CTGCACCTTA CAACCACTGC ACTACCTGAC TCAGGAATCG GCTCTGGAAG1080
45 GTGAAGCTAG AGGAACCAGA CCTCATCAGC CCAACATCAA AGACACCATC GGAACAGCAG1140
CGCCCGCAGC ACCCACCCCG CACCGGCGAC TCCATCTTCA TGGCCACCCC CTGCGGCGGA1200
CGGTTGACCA CCAGCCACCA CATCATCCCA GAGCTGAGCT CCTCCAGCGG GATGACGCCG1260
TCCCCACCAC CTCCCTCTTC TTCTTTTTTCA TCCTTCTGTC TCTTTGTTTC TGAGCTTTCC1320
TGTCTTTCCCT TTTTCTGAG AGATTCAAAG CCTCCACGAC TCTGTTTCCC CCGTCCCTTC1380
50 TGAATTTAAT TTGCACTAAG TCATTTGCAC TGGTTGGAGT TGTGGAGACG GCCTTGAGTC1440
TCAGTACGAG TGTGCGTGAG TGTGAGCCAC CTTGGCAAGT GCCTGTGCAG GGCCCGGCCG1500
CCCTCCATCT GGGCCGGGTG ACTGGGCGCC GGCTGTGTGC CCGAGGCCTC ACCCTGCCCT1560
CGCCTAGTCT GGAAGCTCCG ACCGACATCA CGGAGCAGCC TTCAAGCATT CCATTACGCC1620
CCATCTCGCT CTGTGCCCTT CCCCACCAGG GCTTCAGCAG GAGCCCTGGA CTCATCATCA1680
55 ATAAACACTG TTACAGCAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1740
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAG 1769

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 990 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```
25  AGGGAGAGGC AGTGACCATG AAGGCTGTGC TGCTTGCCCT GTTGATGGCA GGCTTGGCCC 60
    TGCAGCCAGG CACTGCCCTG CTGTGCTACT CCTGCAAAGC CCAGGTGAGC AACGAGGACT120
    GCCTGCAGGT GGAGAACTGC ACCCAGCTGG GGGAGCAGTG CTGGACCGCG CGCATCCGCG180
    CAGTTGGCCT CCTGACCGTC ATCAGCAAAG GCTGCAGCTT GAACTGCGTG GATGACTCAC240
    AGGACTACTA CGTGGGCAAG AAGAACATCA CGTGCTGTGA CACCGACTTG TGCAACGCCA300
30  GCGGGGCCCCA TGCCCTGCAG CCGGCTGCCG CCATCCTTGC GCTGCTCCCT GCACTCGGCC360
    TGCTGCTCTG GGGACCCGGC CAGCTATAGG CTCTGGGGGG CCCCCTGCA GCCCACACTG420
    GGTGTGGTGC CCCAGGCCTT TGTGCCACTC CTCACAGAAC CTGGCCCAGT GGGAGCCTGT480
    CCTGGTTCC T GAGGCACATC CTAACGCAAG TTTGACCATG TATGTTTGCA CCCCTTTTCC540
    CCNAACCCTG ACCTTCCCAT GGGCCTTTTC CAGGATTCCN ACCNGGCAGA TCAGTTTTAG600
35  TGANACANAT CCGCNTGCAG ATGGCCCCCTC CAACNTTNTN TGTTGNTGTT TCCATGGCCC660
    AGCATTTTCC ACCCTTAACC CTGTGTTTTC GCACCTNTTC CCCCAGGAAG CCTTCCCTGC720
    CCACCCCAT TATGAATTGA GCCAGGTTTG GTCCGTGGTG TCCCCCGCAC CCAGCAGGGG780
    ACAGGCAATC AGGAGGGCCC AGTAAAGGCT GAGATGAAGT GGAAGTGAAGT GAACTGGAGG840
    ACAAGAGTTG ACGTGAGTTC CTGGGAGTTT CCAGAGATGG GGCCTGGAGG CCTGGAGGAA900
40  GGGGCCAGGC CTCACATTTG TGGGGNTCCC GAATGGCAGC CTGAGCACAG CGTAGGCCCT960
    TAATAAACAC CTGTTGGATA AGCCAAAAAA 990
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKS L SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP120
RMRTMAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI180
QKMHSVN 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY120
AVQGQMDADV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 298 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

QAQGQLRHGF LRPMPEPRGL ESGKTGSARG VAAGRHOEGE RPREGGPGTL RSKEAAGARP 60
AGAGPTRHCG PGSGAERAHS GLGDAVCPRH SAPGAGLADS TASRGVKGMG RDQTRRGGRG120
GVNELSGGRM VQAGVRSAGG GEREALASRA RGQGGPRGR RSRDRCLSVR AGDEARSPAG180
VDVPTSCRRQ DARSGGRDKQ DMTWSGV TAR TEEARPAFLN TLGWWGCGKK RVCFFTSSSTE240

SAHYGCPLGS QNPQHERNGA TQLKPGPLNP DTKPSSLEMN MLHFTTTALP DSGIGSGR 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- 5 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

20 VPPLGCYPSP GFKQGHGKGT QDRGVPSCHL THRNSFSSRH RGSSGTAFSG LCRSLEGWRA 60
GRQAVLGELQ QDVTRRANGH GRGAPGHCAA RRLQGLGLRA PVPRGTAAQG LVRRGPTVDL120
VTLYALTAQP LGLAWQTVQH PGESRAWGET RLGEAGGAE 159

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

FWLIQQVFIK GLRCAQAAIR XPHKCEAWPL PPGLQAPSLE TPRNSRQLLS SSSTQSTSSQ 60
PLLGPDPCLS PAGCGGHHGP NLAQFINGVG REGFLGEXVP EHRVKGGKCW AMETXTXXVG120
45 GAICXRXCT KTDLPGXNPG KGPWEGQGKG KRGANIHGQT CVRMCLRNQD RLPLGQVL 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 50 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

HRLVQRQRGP CPAAGCRHPC AAPCTRPAAL GTRPAIGSGG PRCSPHWVWC PRPLCHSSQN 60
LAQWEPVLVP EAHPNASLTM YVCTFPFXTL TFPWAFSRIP TXQISFSXTX PXADGPSNXX120
CXCFHGPAFS TLNPVERHXF PQEAFPAHPI YELSQVWSVV SPAPSRGQAI RRAQ 174

15

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
umfassend
5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 2, 3, 5-9, 11,
12, 16, 18, 20, 26, 36, 45, 107, 108.
10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-
Sequenzen
oder
15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten
Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107,
20 108, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107,
25 108, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasenmorgewebe erhöht exprimiert
sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
30 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107,
108, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
35 gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
40 gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen
Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
45 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß
sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch
50 gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50
bis 4500 bp aufweist.

- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 15 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor.
- 35 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108 in sense oder antisense Form.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen-tumors.
- 50 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 51-106, 109-114, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 51-106, 109-114.
- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 10 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 15 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-50, 107, 108.
- 20 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.
- 30

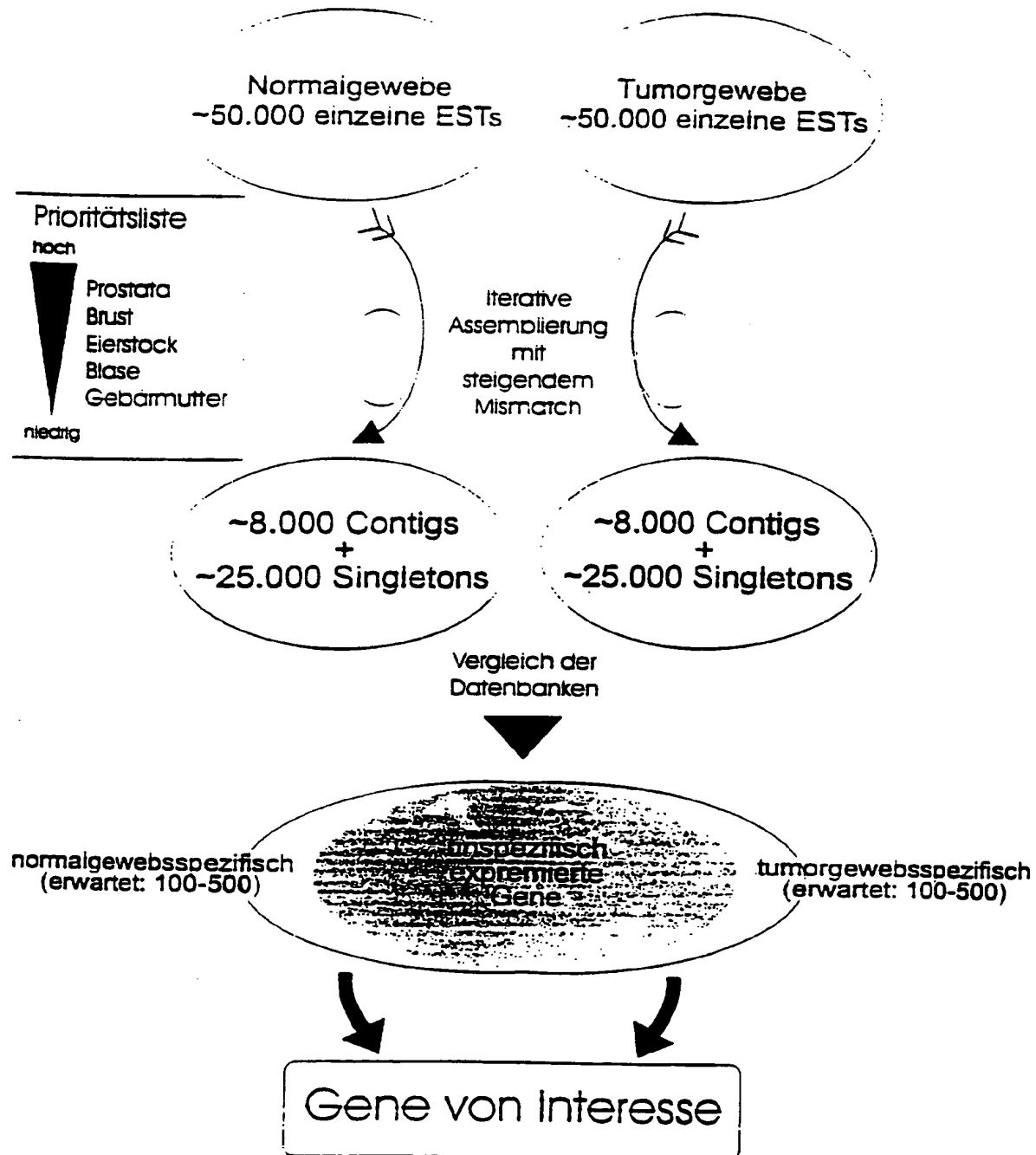
1/10
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

Fig. 1

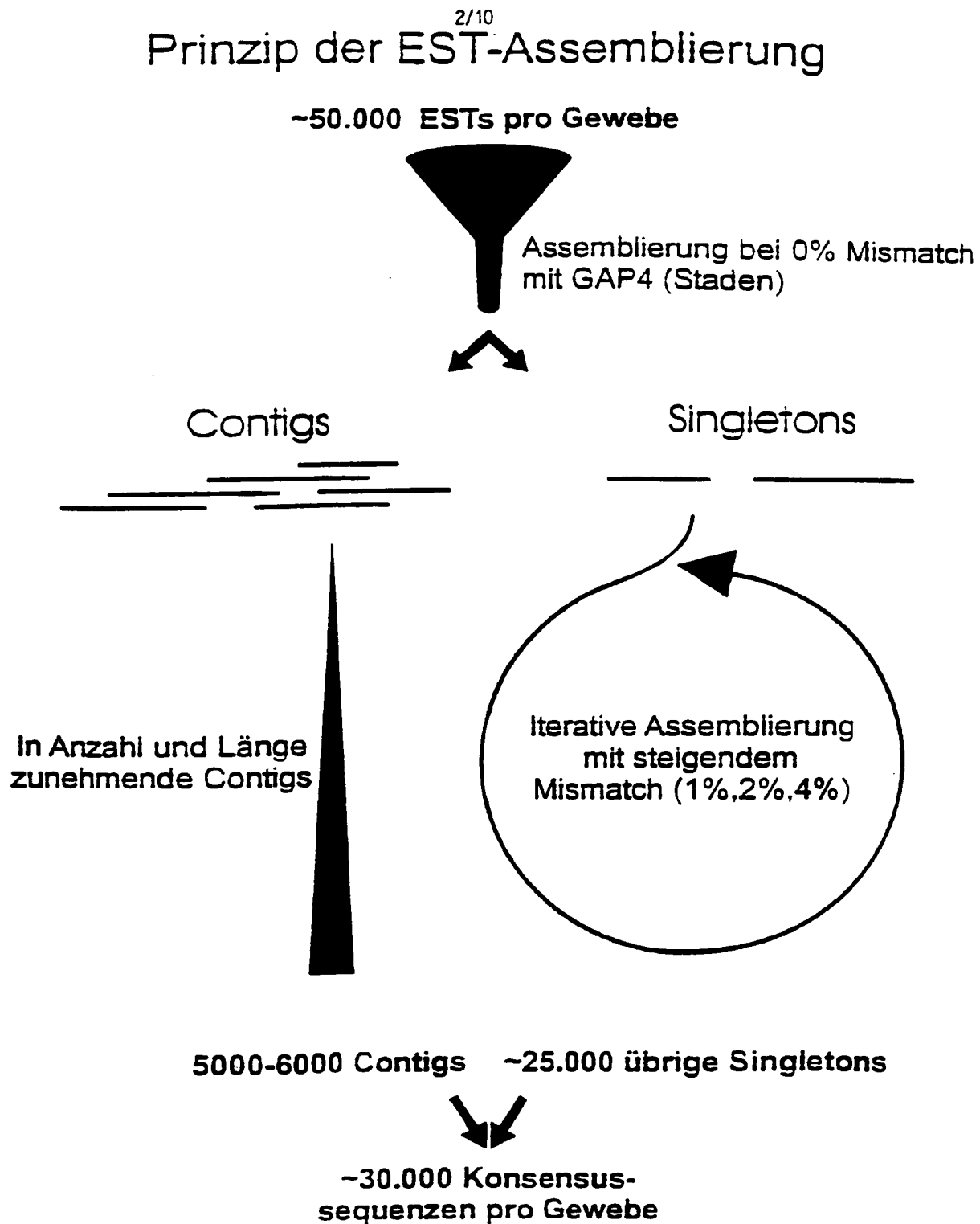


Fig. 2a

3/10

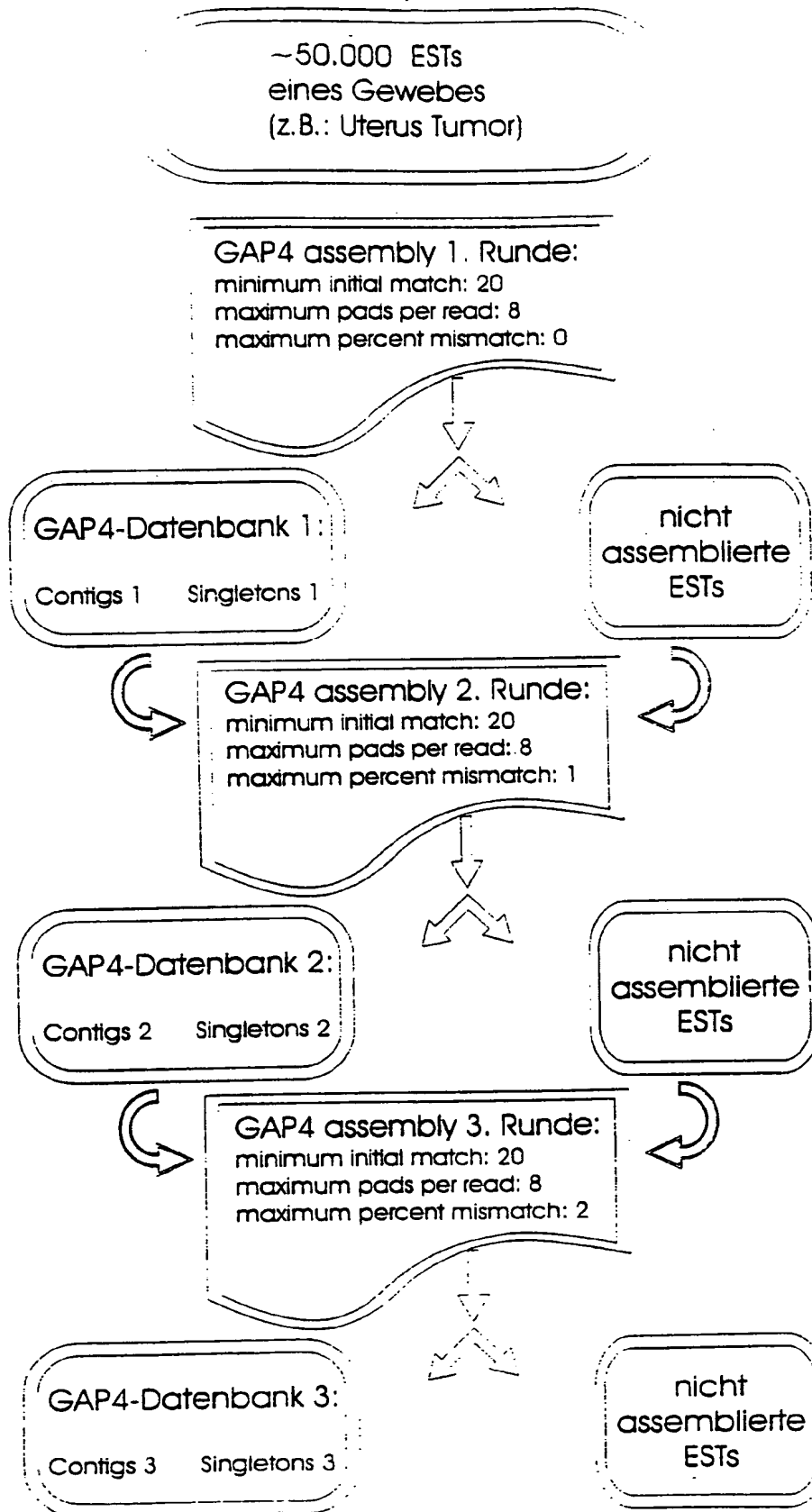


Fig. 2b1

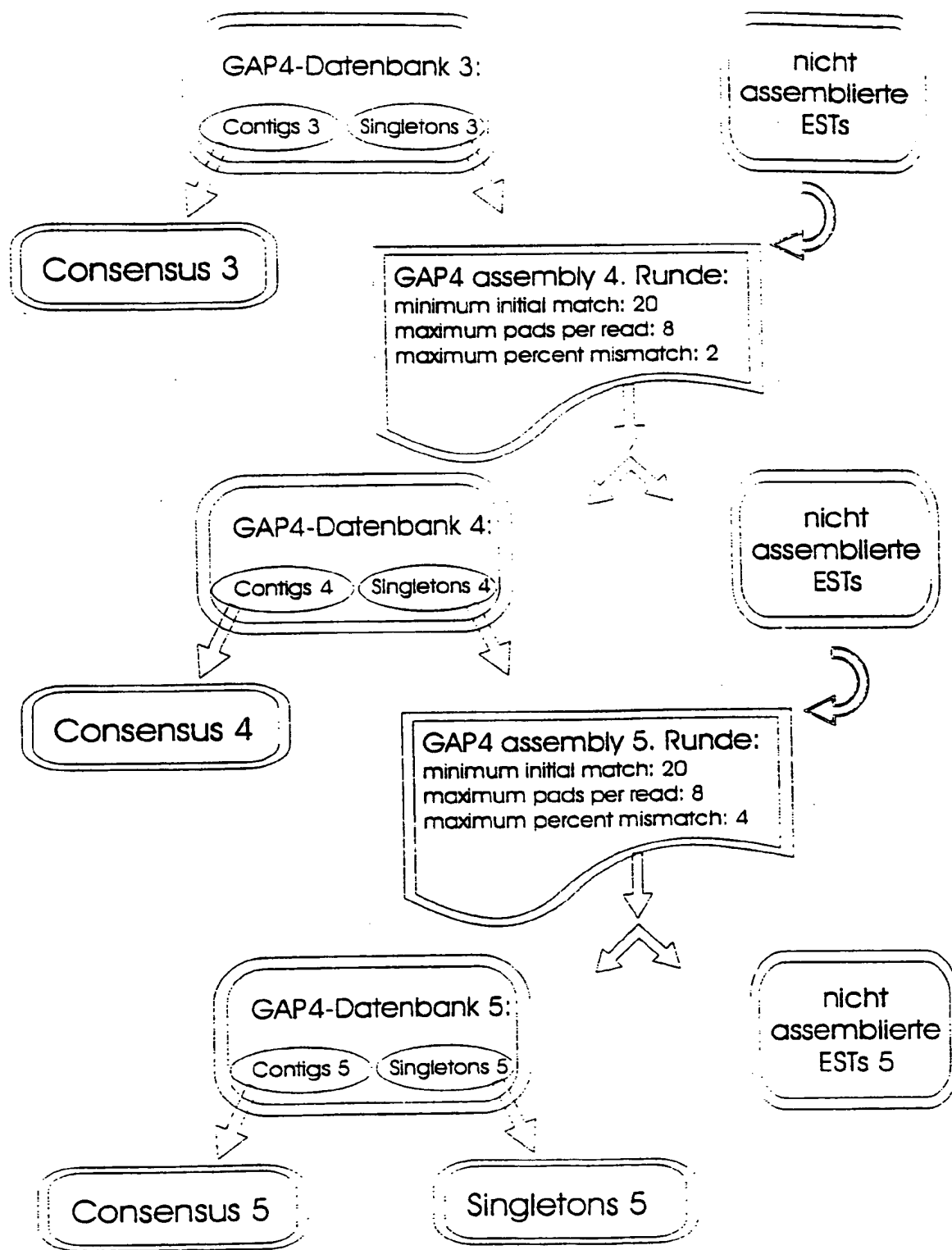


Fig. 2b2

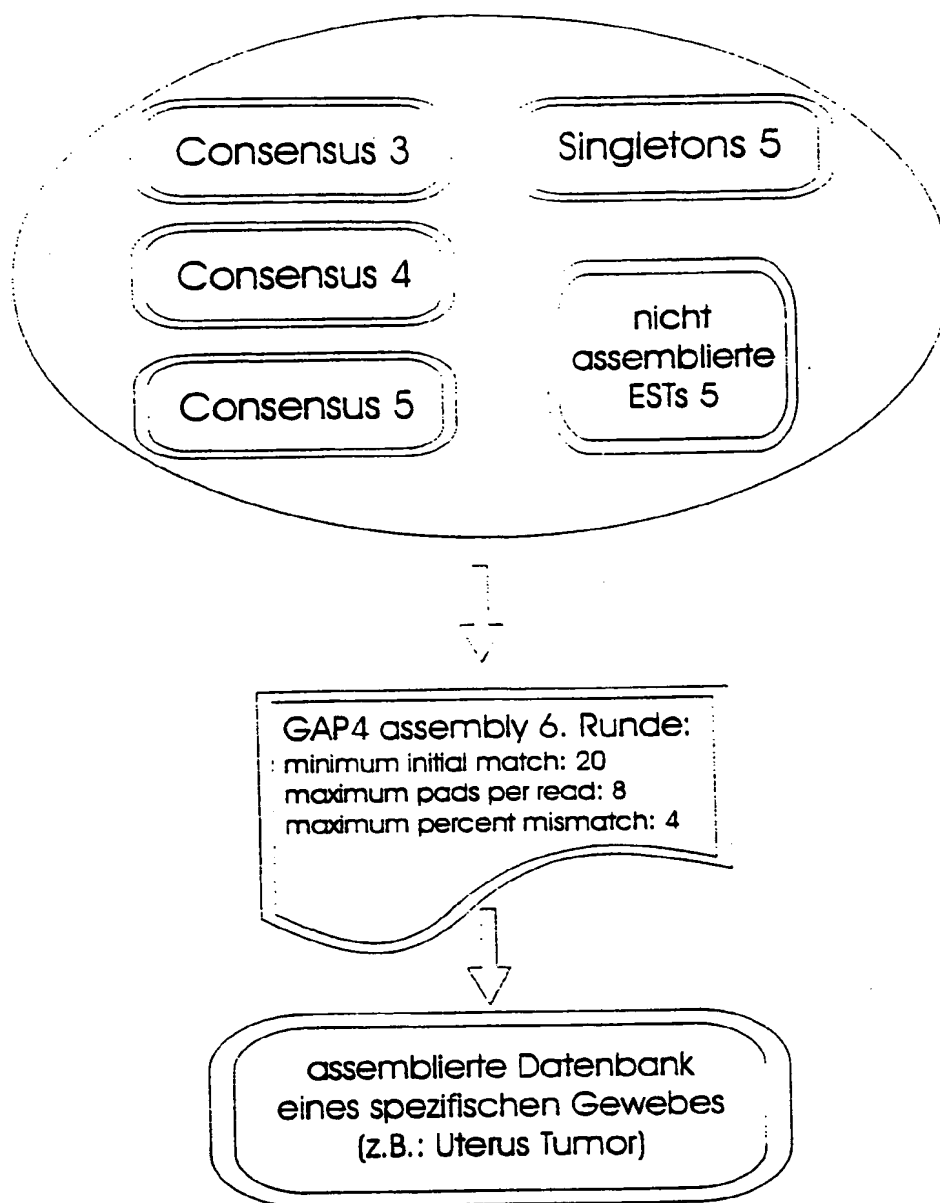


Fig. 2b3

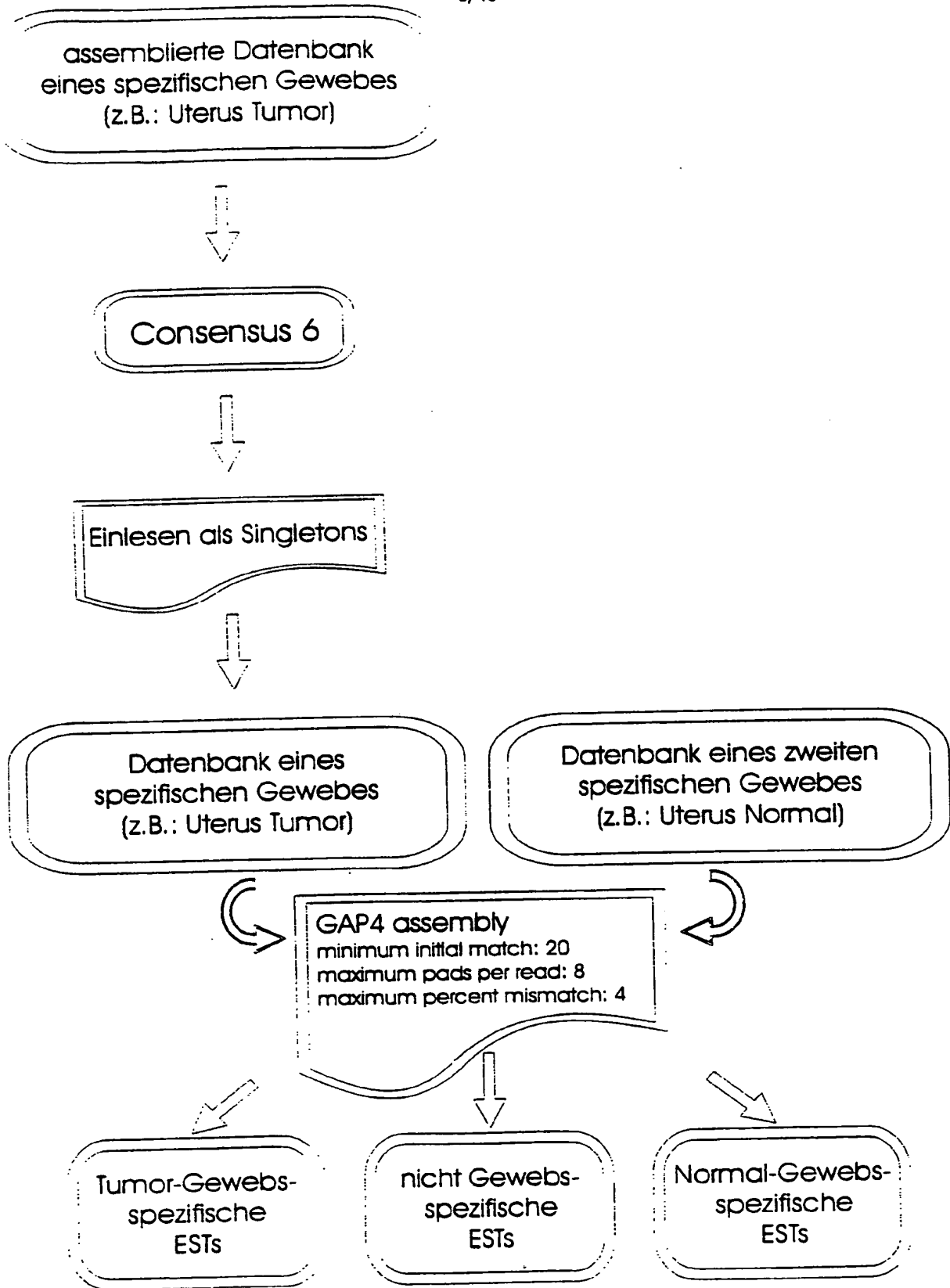


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

WO 99/54447

7/10

PCT/DE99/01170

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

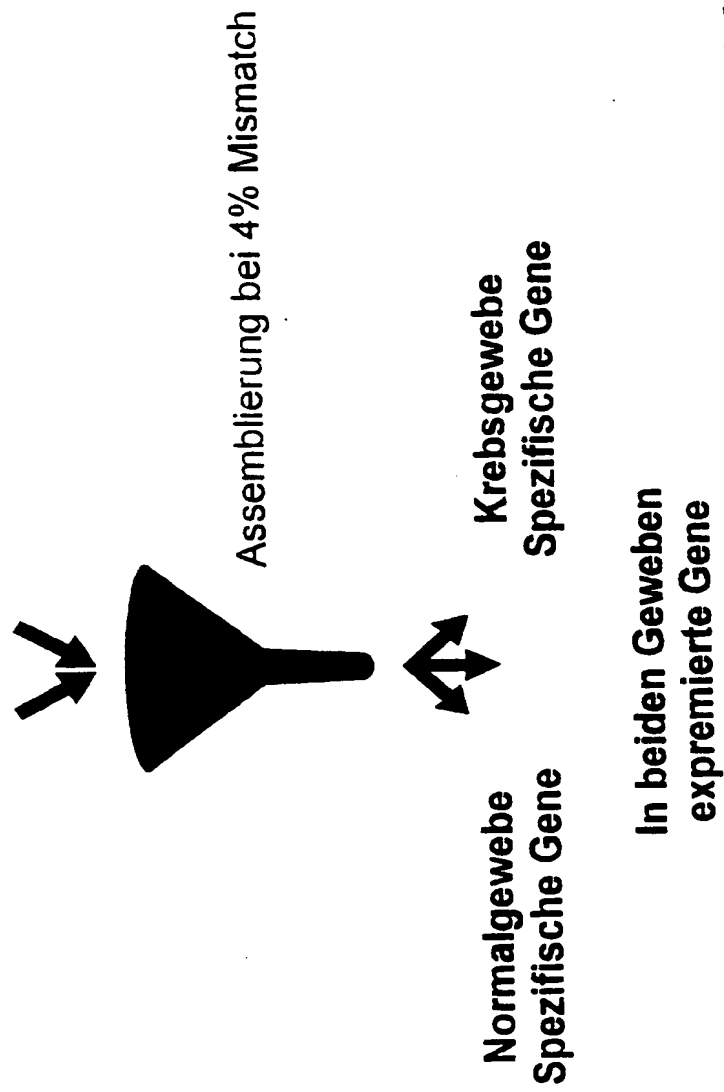


Fig. 3

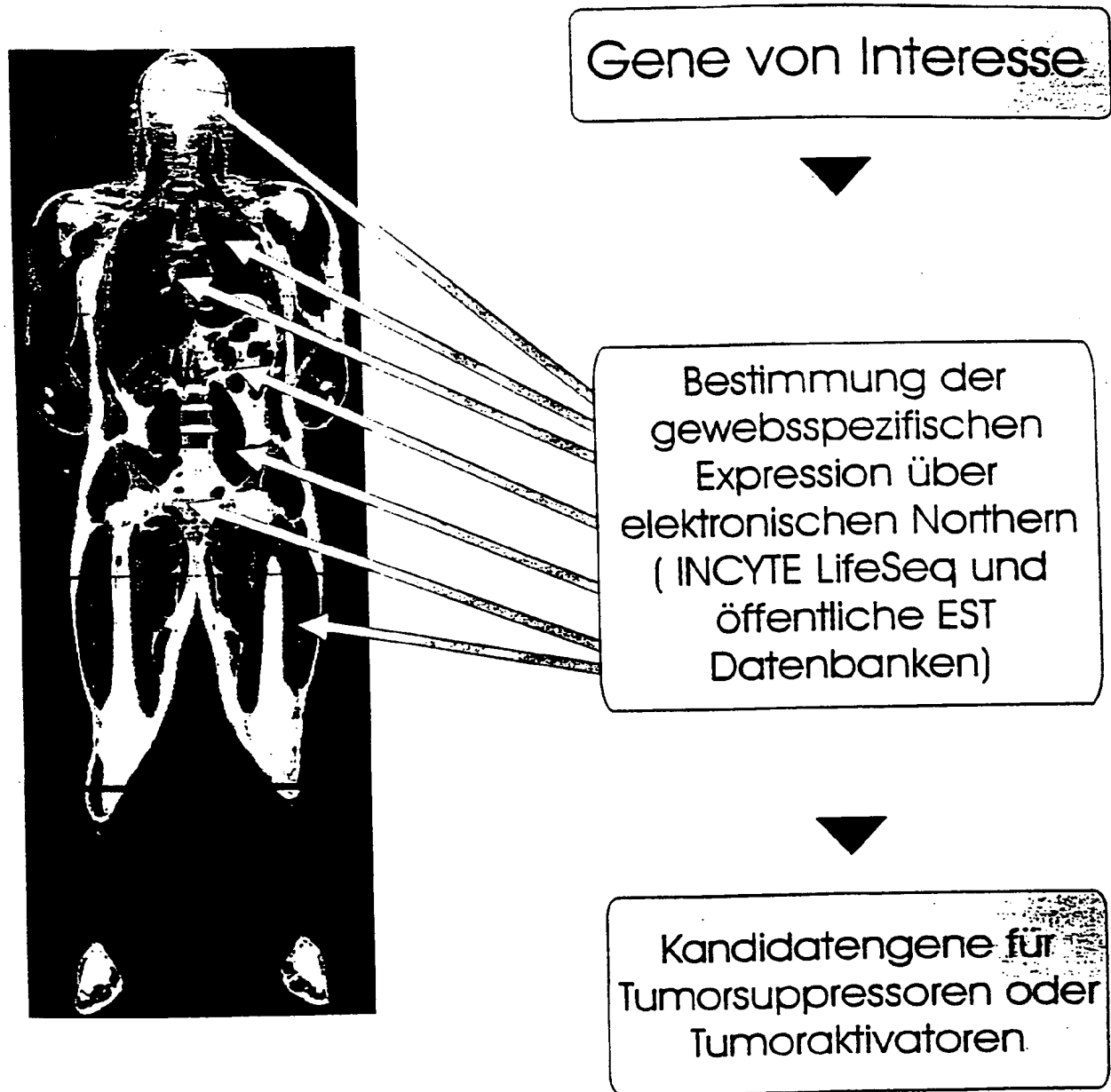


Fig. 4a

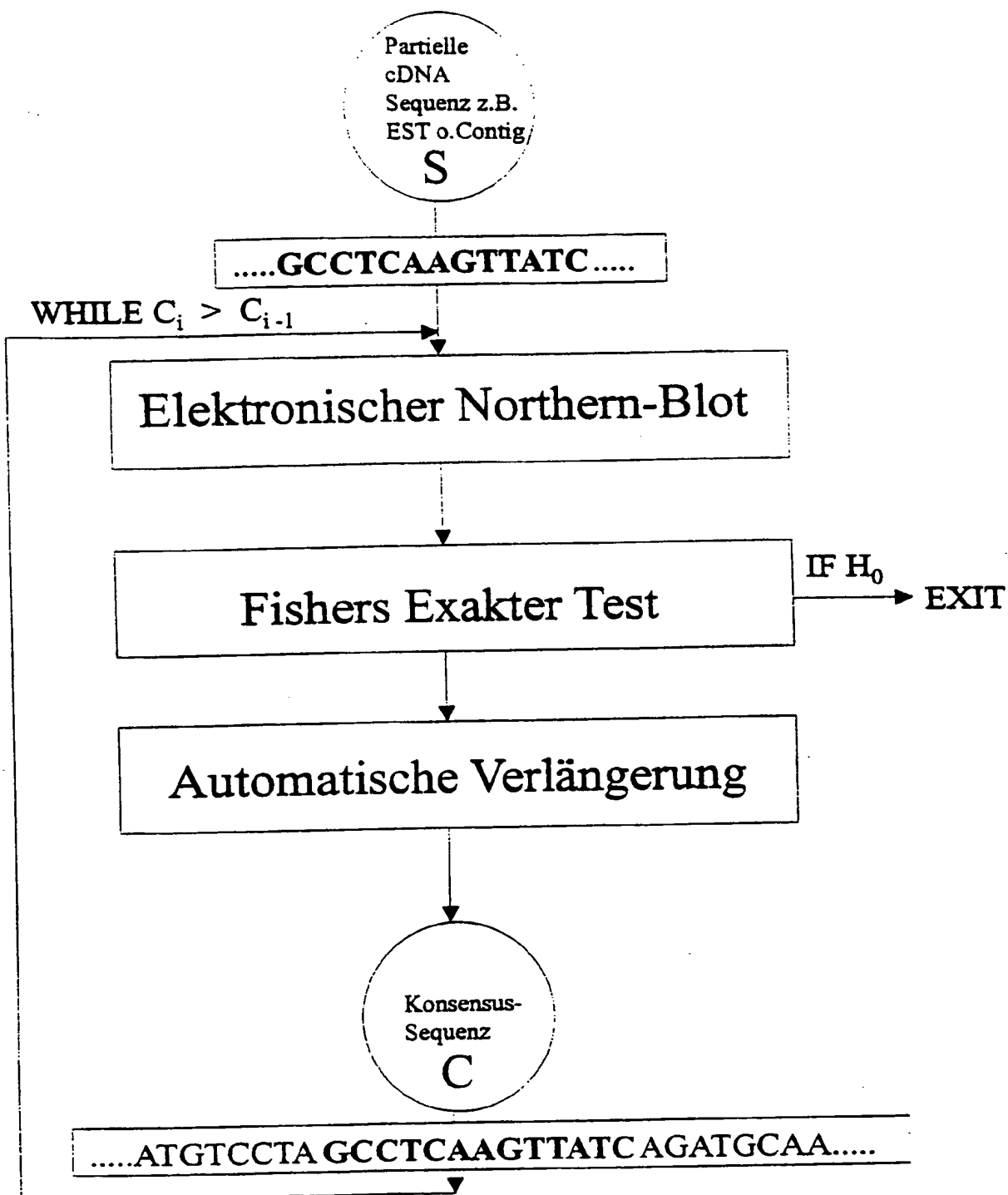


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.